



REC'D 27 FEB 2004	
WIPO	PCT

**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung  
einer Patentanmeldung**

**Aktenzeichen:** 103 08 836.9

**Anmeldetag:** 27. Februar 2003

**Anmelder/Inhaber:** BASF Plant Science GmbH, 67056 Ludwigshafen/DE

**Bezeichnung:** Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren

**IPC:** C 07 H, C 12 P, C 12 N

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 7. Januar 2004  
Deutsches Patent- und Markenamt  
Der Präsident  
Im Auftrag

12012

**PRIORITY  
DOCUMENT**  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

## Patentansprüche

1. Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lyso-  
phospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren, wobei die durch die Nuklein-  
säuresequenzen codierten Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-Acyltransferasen spezi-  
fisch C<sub>16</sub>-, C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens einer Doppelbindung im  
Fettsäuremolekül umsetzen.
2. Isolierte Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 1 ausgewählt aus der Grup-  
pe:
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ  
ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten geneti-  
schen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder  
SEQ ID NO: 7 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID  
NO: 7 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in  
SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 darge-  
stellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf  
Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder  
SEQ ID NO: 8 aufweisen und eine Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-  
Acyltransferaseaktivität aufweisen.
3. Isolierte Nukleinsäuresequenz nach Anspruch 1 oder 2, wobei die Sequenz aus  
einem Eukaryont stammt.
4. Aminosäuresequenz, die von einer isolierten Nukleinsäuresequenz nach einem  
der Ansprüche 1 bis 3 codiert wird.
5. Genkonstrukt, enthaltend eine isolierte Nukleinsäure nach einem der Ansprüche  
1 bis 3, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem oder mehreren Regula-  
tionssignalen verbunden ist.
6. Genkonstrukt nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäu-  
rekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels  
enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[=  
acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-  
Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-  
Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-  
Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-  
Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-  
Elongase(n).

## 2

- 5 7. Genkonstrukt nach Anspruch 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe der  $\Delta$ -4-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Desaturase-,  $\Delta$ -6-Desaturase-,  $\Delta$ -8-Desaturase-,  $\Delta$ -9-Desaturase-,  $\Delta$ -12-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Elongase-,  $\Delta$ -6-Elongase- oder  $\Delta$ -9-Elongase.
8. Vektor, enthaltend eine Nukleinsäure nach den Ansprüchen 1 bis 3 oder ein Genkonstrukt nach den Ansprüchen 5 bis 7.
- 10 9. Transgener nicht-humaner Organismus, enthaltend mindestens eine Nukleinsäure nach den Ansprüchen 1 bis 3, ein Genkonstrukt nach den Ansprüchen 5 bis 7 oder einen Vektor nach Anspruch 8.
10. Transgener nicht-humaner Organismus nach Anspruch 9, wobei der Organismus ein Mikroorganismus, ein nicht-humanes Tier oder eine Pflanze ist.
- 15 11. Transgener nicht-humaner Organismus nach Anspruch 9 oder 10, wobei der Organismus eine Pflanze ist.
- 20 12. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in einem Organismus, dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:
- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codiert; oder
- b) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lässt, oder
- 25 c) Einbringen mindestens eines Derivates der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 aufweisen und eine äquivalente Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität aufweisen, und
- 30 d) kultivieren und ernten des Organismus.
- 35 13. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass zusätzlich zu den unter (a) bis (c) genannten Nukleinsäuresequenzen weitere Nukleinsäuresequenzen in den Organismus eingebracht wurden, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels

5 ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) codieren.

10 14. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach Anspruch 12 oder 13, dadurch gekennzeichnet, dass zusätzlich zu den unter (a) bis (c) genannten Nukleinsäuresequenzen weitere Nukleinsäuresequenzen in den Organismus eingebracht wurden, die für Polypeptide ausgewählt aus der Gruppe  $\Delta$ -4-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Desaturase-,  $\Delta$ -6-Desaturase-,  $\Delta$ -8-Desaturase-,  $\Delta$ -9-Desaturase-,  $\Delta$ -12-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Elongase-,  $\Delta$ -6-Elongase- oder  $\Delta$ -9-Elongaseaktivität codieren.

15 15. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 14, dadurch gekennzeichnet, dass als Substrat der Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-Acyltransferasen  $C_{16}$ -,  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Fettsäuren verwendet werden.

20 16. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 15, dadurch gekennzeichnet, dass die mehrfach ungesättigten Fettsäuren aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fettsäure isoliert werden.

25 17. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 16, dadurch gekennzeichnet, dass die im Verfahren hergestellte mehrfach ungesättigte Fettsäure eine  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Molekül ist.

30 18. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 17, dadurch gekennzeichnet, dass im Verfahren eine mehrfach ungesättigte Fettsäure ausgewählt aus der Gruppe Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure, Eisosapentaensäure, Docosapentaensäure und Docosahexaensäure hergestellt wird.

19. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 18, dadurch gekennzeichnet, dass der Organismus ein Mikroorganismus, ein nicht-humanes Tier oder eine Pflanze ist.

35 20. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 19, dadurch gekennzeichnet, dass der Organismus eine transgene Pflanze ist.



21. Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren nach den Ansprüchen 12 bis 20, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.
- 5 22. Öl, Lipide oder Fettsäuren oder eine Fraktion davon, hergestellt durch das Verfahren nach einem der Ansprüche 12 bis 21.
23. Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung, die mehrfach ungesättigter Fettsäuren hergestellt nach einem Verfahren nach einem der Ansprüche 12 bis 21 umfasst und von transgenen Pflanzen stammt.
- 10 24. Verwendung von Öl, Lipide oder Fettsäuren hergestellt nach einem Verfahren nach einem der Ansprüche 12 bis 21 oder Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung gemäß Anspruch 23 in Futter, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

## Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren

## Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus indem Nukleinsäuren in den Organismus eingebracht werden, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide der Biosynthese des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren, in dem transgenen Organismus exprimiert werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte enthaltend die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Vektoren enthaltend die Nukleinsäuresequenzen und/oder die Nukleinsäurekonstrukte sowie transgene Organismen enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren.

Ein weiterer Teil der Erfindung betrifft Öle, Lipide und/oder Fettsäuren hergestellt nach dem erfindungsgemäßen Verfahren und deren Verwendung.

Fettsäuren und Triglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem ob es sich um freie gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren oder um Triglyceride mit einem erhöhten Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet, so werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Mehrfach ungesättigte  $\omega$ -3-Fettsäuren und  $\omega$ -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten  $\omega$ -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (= DHA, C22:6 <sup>$\Delta$ 4,7,10,13,16,19</sup>) oder Eicosapentaensäure (= EPA, C20:5 <sup>$\Delta$ 5,8,11,14,17</sup>) Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Der ungesättigten Fettsäure DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

Im folgenden werden mehrfach ungesättigte Fettsäuren als PUFA, PUFAs, LCPUFA oder LCPUFAs bezeichnet (poly unsaturated fatty acids, PUFA, long chain poly unsaturated fatty acids, LCPUFA).

Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder Schizochytrium oder aus Öl-produzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Algen wie Crypthecodinium oder Phaeodactylum und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z.B. Fischen gewonnen werden. Die freien

Fettsäuren werden vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4<sup>Δ5,8,11,14</sup>), Dihomo-γ-linolensäure (C20:3<sup>Δ8,11,14</sup>) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5<sup>Δ7,10,13,16,19</sup>) lassen sich nicht aus Ölfruchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z.B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten ω-3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prävention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser ω-3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider Arthritis lassen sich durch ω-3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung. ω-6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

ω-3- und ω-6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo-γ-linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromoxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG<sub>2</sub>-Serie), die aus ω-6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG<sub>3</sub>-Serie) aus ω-3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.

Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine Δ-9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine Δ-15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine Δ-12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144–20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200–203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649–659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141–12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777–792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der

anschließend auf Enzymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird.  $\Delta$ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022, WO00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO98/46763 WO98/46764, WO9846765. Dabei wird auch die Expression verschiedener Desaturasen wie in WO99/64616 oder WO98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe Gehalte an ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z.B.  $\gamma$ -Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel ein Gemisch aus  $\omega$ -3- und  $\omega$ -6-Fettsäuren erhalten.

Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Thraustochytrien oder Schizochytrien-Stämme, Algen wie *Phaeodactylum tricornutum* oder *Cryptocodinium*-Arten, Ciliaten, wie *Stylonychia* oder *Colpidium*, Pilze, wie *Mortierella*, *Entomophthora* oder *Mucor*. Durch Stammselektion ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen.

Alternativ kann die Produktion von Feinchemikalien im großen Maßstab vorteilhaft über die Produktion in Pflanzen durchgeführt werden, die so entwickelt werden, dass sie die vorstehend genannten PUFAs herstellen. Besonders gut für diesen Zweck geeignete Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten wie Raps, Canola, Lein, Soja, Sonnenblumen, Borretsch und Nachtkerze. Aber auch andere Nutzpflanzen, die Öle oder Lipide und Fettsäuren enthalten, sind gut geeignet, wie in der eingehenden Beschreibung dieser Erfindung erwähnt. Mittels herkömmlicher Züchtung ist eine Reihe von Mutantenpflanzen entwickelt worden, die ein Spektrum an wünschenswerten Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen produzieren. Die Selektion neuer Pflanzensorten mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls ist jedoch ein zeitaufwändiges und schwieriges Verfahren oder sogar unmöglich, wenn die Verbindung in der entsprechenden Pflanze nicht natürlich vorkommt, wie im Fall von mehrfach ungesättigten  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ -Fettsäuren und  $C_{22}$ -Fettsäuren und solchen mit längeren Kohlenstoffketten.

Aufgrund der positiven Eigenschaften ungesättigter Fettsäuren hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, diese Gene, die an der Synthese von Fettsäuren

bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Pflanzen mit einem geänderten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. Bisher konnten jedoch längerkettige mehrfach ungesättigte C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren wie EPA oder ARA nicht in Pflanzen hergestellt werden.

- 5 Aber auch in anderen Organismen wie Mikroorganismen wie Algen oder Pilzen führten die gentechnischen Veränderungen des Fettsäurestoffwechselweges über das Einbringen und die Expression beispielsweise von Desaturasen nur zu relativ geringen Steigerungen der Produktivität in diesen Organismen. Ein Grund hierfür mag in dem sehr komplexen Fettsäurestoffwechsel liegen. So ist der Einbau von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in Membranlipide und/oder in Triacylglyceride und deren Ab- und Umbau sehr komplex und bis heute biochemisch und speziell genetisch noch nicht vollständig aufgeklärt und verstanden.

15 Die Biosynthese von LCPUFAs und der Einbau von LCPUFAs in Membranen oder Triacylglyceride erfolgt über verschiedene Stoffwechselwege (Abbadì et al. (2001) European Journal of Lipid Science & Technology 103:106-113). In Bakterien wie *Vibrio* und Mikroalgen wie *Schizochytrium* wird Malonyl-CoA über eine LCPUFA-produzierende Polyketidsynthase zu LCPUFAs umgesetzt (Metz et al. (2001) Science 293: 290-293; WO 00/42195; WO 98/27203; WO 98/55625). In Mikroalgen wie *Phaeodactylum* und Moosen wie *Physcomitrella* werden ungesättigte Fettsäuren wie Linolensäure oder Linolensäure in Form ihrer Acyl-CoAs in mehreren Desaturierungs- und Elongationsschritten zu LCPUFAs umgesetzt (Zank et al. (2000) Biochemical Society Transactions 28: 654-658). Bei Säugetieren beinhaltet die Biosynthese von DHA zusätzlich zu Desaturierungs- und Elongationsschritten eine Kettenverkürzung über  $\beta$ -Oxidation.

- 25 LCPUFAs liegen in Mikroorganismen und niederen Pflanzen entweder ausschließlich in Form von Membranlipiden vor, wie bei *Physcomitrella* und *Phaeodactylum* oder sie sind in Membranlipiden und Triacylglyceriden vorhanden, wie bei *Schizochytrium* und *Mortierella*. Der Einbau von LCPUFAs in Lipide und Öle wird durch verschiedene - Acyltransferasen und Transacylasen katalysiert. Diese Enzyme sind bereits bekannt für den Einbau von gesättigten und ungesättigten Fettsäuren [Slabas (2001) J. Plant Physiology 158: 505-513; Frentzen (1998) Fett/Lipid 100: 161-166]; Cases et al. (1998) Proc. Nat. Acad. Sci. USA 95: 13018-13023]. Bei den Acyltransferasen handelt sich um Enzyme des sogenannten Kennedy-Pathways, die an der cytoplasmatischen Seite des Membransystems des Endoplasmatischen Reticulums, nachfolgend als 'ER' bezeichnet, lokalisiert sind. Experimentell können Membranen des ER als sogenannte 'mikrosomale Fraktionen' aus verschiedenen Organismen isoliert werden (Knutzon et al. (1995) Plant Physiology 109: 999-1006; Mishra & Kamisaka (2001) Biochemistry 355: 315-322; US 5968791). Diese ER-gebundenen Acyltransferasen in der mikrosomalen Fraktion verwenden Acyl-CoA als aktivierte Form der Fettsäuren. Glycerin-3-phosphat Acyltransferase, im folgenden GPAT genannt, katalysiert den Einbau von Acylgruppen an der sn-1 Position von Glycerin-3-phosphat. 1-Acylglycerin-3-phosphat Acyltransferase (E.C. 2.3.1.51), auch Lysophosphatidsäure Acyltransferase, im folgenden LPAAT

genannt, katalysiert den Einbau von Acylgruppen an der sn-2 Position von Lysophosphatidsäure, nachfolgend als LPA abgekürzt. Nach Dephosphorylierung von Phosphatidsäure durch Phosphatidsäure Phosphatase katalysiert Diacylglycerin Acyltransferase, im folgenden DAGAT genannt, den Einbau von Acylgruppen an der sn-3 Position von Diacylglycerins. Neben diesen Kennedy Pathway Enzymen sind weitere Enzyme am Einbau von Fettsäuren in Triacylglyceride beteiligt, die Acylgruppen aus Membranlipiden in Triacylglyceride einbauen können. Phospholipid Diacylglycerin Acyltransferase, nachfolgend PDAT genannt, und Lysophosphatidylcholin Acyltransferase, nachfolgend LPCAT genannt.

Die enzymatische Aktivität einer LPCAT wurde erstmals in Ratten beschrieben [Land (1960) Journal of Biological Chemistry 235: 2233-2237]. In Pflanzen existiert eine plastidäre Isoform der LPCAT [Akermoun et al. (2000) Biochemical Society Transactions 28: 713-715] sowie eine ER gebundene Isoform [Tumaney und Rajasekharan (1999) Biochimica et Biophysica Acta 1439: 47-56; Fraser und Stobart, Biochemical Society Transactions (2000) 28: 715-7718]. LPCAT ist in Tieren wie auch in Pflanzen an der Biosynthese und der Transacylierung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren beteiligt [Stymne und Stobart (1984) Biochem. J. 223: 305-314; Stymne und Stobart (1987) in 'The Biochemistry of Plants: a Comprehensive Treatise', Vol. 9 (Stumpf, P.K. ed.) pp. 175-214, Academic Press, New York]. Eine wichtige Funktion der LPCAT oder allgemeiner gesagt einer Acyl-CoA:Lysophospholipid Acyltransferase, nachfolgend LPLAT genannt, bei der ATP-unabhängigen Synthese von Acyl-CoA aus Phospholipiden wurde von Yamashita et al. (2001; Journal of Biological Chemistry 276: 26745-26752) beschrieben.

Trotz vieler biochemischer Daten konnten bisher keine Gene kodierend für LPCAT identifiziert werden. Gene anderer verschiedener pflanzlicher Acyltransferasen konnten isoliert werden und werden in WO 00/18889 (Novel Plant Acyltransferases) beschrieben.

Höhere Pflanzen enthalten mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Linolsäure (C18:2) und Linolensäure (C18:3). Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) und Docosahexaensäure (DHA) kommen wie oben beschrieben im Samenöl höherer Pflanzen gar nicht oder nur in Spuren vor (E. Ucciani: Nouveau Dictionnaire des Huiles Végétales. Technique & Documentation – Lavoisier, 1995. ISBN: 2-7430-0009-0). Es ist vorteilhaft, in höheren Pflanzen, bevorzugt in Ölsaaten wie Raps, Lein, Sonnenblume und Soja, LCPUFAs herzustellen, da auf diese Weise große Mengen qualitativ hochwertiger LCPUFAs für die Lebensmittelindustrie, die Tierernährung und für pharmazeutische Zwecke kostengünstig gewonnen werden können. Hierzu werden vorteilhaft über gentechnische Methoden Gene kodierend für Enzyme der Biosynthese von LCPUFAs in Ölsaaten eingeführt und exprimiert werden. Dies sind beispielsweise Gene kodierend für  $\Delta$ -6-Desaturase,  $\Delta$ -6-Elongase,  $\Delta$ -5-Desaturase,  $\Delta$ -5-Elongase und  $\Delta$ -4-Desaturase. Diese Gene können vorteilhaft aus Mikroorganismen, Tieren und niederen Pflanzen isoliert werden, die LCPUFAs herstellen und in den Membranen oder Triacylglyceriden einbauen. So konnten bereits  $\Delta$ -6-Desaturase-Gene aus dem Moos

Physcomitrella patens und  $\Delta$ -6-Elongase-Gene aus *P. patens* und dem Nematoden *C. elegans* isoliert.

5 Erste transgene Pflanzen, die Gene kodierend für Enzyme der LCPUFA-Biosynthese enthalten und exprimieren und LCPUFAs produzieren wurden beispielsweise in DE 102 19 203 (Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen) erstmals beschrieben. Diese Pflanzen produzieren allerdings LCPUFAs in Mengen, die für eine Aufarbeitung der in den Pflanzen enthaltenen Öle noch weiter optimiert werden müssen.

10 Um eine Anreicherung der Nahrung und des Futters mit diesen mehrfach ungesättigten Fettsäuren zu ermöglichen, besteht daher ein großer Bedarf an einem einfachen, kostengünstigen Verfahren zur Herstellung dieser mehrfach ungesättigten Fettsäuren speziell in eukaryontischen Systemen.

15 Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem eukaryontischen Organismus zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in einem Organismus, dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren - folgende Schritte umfasst:

- 20 a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codiert; oder
- 25 b) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lässt, oder
- 30 c) Einbringen mindestens eines Derivates der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Nukleinsäuresequenz in den Organismus, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 aufweisen und eine äquivalente Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität aufweisen, und
- d) kultivieren und ernten des Organismus.

35 Vorteilhaft enthalten die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren mindestens zwei vorteilhaft drei Doppelbindungen. Besonders vorteilhaft enthalten die Fettsäuren vier oder fünf Doppelbindungen. Im Verfahren hergestellte Fettsäuren haben vorteilhaft 16-, 18-, 20- oder 22 C-Atome in der Fettsäure-

ette. Diese hergestellten Fettsäuren können als einziges Produkt im Verfahren hergestellt werden oder in einem Fettsäuregemisch vorliegen.

Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren.

Die im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind vorteilhaft in Membranlipiden und/oder Triacylglyceriden gebunden, können aber auch als freie Fettsäuren oder aber gebunden in Form anderer Fettsäureester in den Organismen vorkommen. Dabei können sie wie gesagt als "Reinprodukte" oder aber vorteilhaft in Form von Mischungen verschiedener Fettsäuren oder Mischungen unterschiedlicher Glyceride vorliegen. Dabei lassen sich die in den Triacylglyceriden gebundenen verschiedenen Fettsäuren von kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren besonders bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren LCPUFAs von C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren.

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C<sub>16</sub>-, C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von Hexadecadiensäure (C<sub>16</sub>:2<sup>Δ9,12</sup>), γ-Linolensäure (= GLA, C<sub>18</sub>:3<sup>Δ6,9,12</sup>), Stearidonsäure (= SDA, C<sub>18</sub>:4<sup>Δ6,9,12,15</sup>), Dihomo-γ-Linolensäure (= DGLA, C<sub>20</sub>:3<sup>Δ8,11,14</sup>), Eicosatetraensäure (= ETA, C<sub>20</sub>:4<sup>Δ5,8,11,14</sup>), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.

Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C<sub>16</sub>-, C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Organismen vorteilhaft den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäureester und freie Fettsäuren) in den Organismen in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die hergestellten LCPUFAs mit einem Gehalt von mindestens 3 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 5 Gew.-%, bevorzugt von



mindestens 8 Gew.-%, besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt von mindestens 15 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Organismen vorteilhaft in einer transgenen Pflanze hergestellt. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Hexadecadiensäure (C16:2), Linolsäure (C18:2) bzw. Linolensäure (C18:3) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als absolute Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in dem Ausgangsorganismus bzw. in der Ausgangspflanze beispielsweise sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweiligen Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren hergestellt. Werden beide Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1:2 (EPA:ARA), vorteilhaft von mindestens 1:3, bevorzugt von 1:4, besonders bevorzugt von 1:5 hergestellt.

Durch die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen kann eine Steigerung der Ausbeute an mehrfach ungesättigten Fettsäuren von mindestens 50 %, vorteilhaft von mindestens 80 %, besonders vorteilhaft von mindestens 100 %, ganz besonders vorteilhaft von mindestens 150 % gegenüber den nicht transgenen Ausgangsorganismus beim Vergleich in der GC-Analyse siehe Beispiele erreicht werden.

Auch chemisch reine mehrfach ungesättigte Fettsäuren oder Fettsäurezusammensetzungen sind nach den vorbeschriebenen Verfahren darstellbar. Dazu werden die Fettsäuren oder die Fettsäurezusammensetzungen aus dem Organismus wie den Mikroorganismen oder den Pflanzen oder dem Kulturmedium, in dem oder auf dem die Organismen angezogen wurden, oder aus dem Organismus und dem Kulturmedium in bekannter Weise beispielsweise über Extraktion, Destillation, Kristallisation, Chromatographie oder Kombinationen dieser Methoden isoliert. Diese chemisch reinen Fettsäuren oder Fettsäurezusammensetzungen sind für Anwendungen im Bereich der Lebensmittelindustrie, der Kosmetikindustrie und besonders der Pharmaindustrie vorteilhaft.

Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Organismen wie Pilze wie *Mortierella* oder *Traustochytrium*, Hefen wie *Saccharomyces* oder *Schizosaccharomyces*, Moose wie *Physcomitrella* oder *Ceratodon*, nicht-humane Tiere wie *Caenorhabditis*, Algen wie *Cryptocodinium* oder *Phaeodactylum* oder Pflanzen wie zweikeimblättrige oder einkeimblättrige Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Pilze wie *Mortierella* oder *Traustochytrium*, Algen wie *Cryptocodinium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfrucht-

pflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rizinus, Olive, Sesam, Calendula, Punica, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfuchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind C18:2- und/oder C18:3-Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.

Für das erfindungsgemäße beschriebene Verfahren ist es vorteilhaft in den Organismus zusätzlich zu den unter Verfahrensschritt (a) bis (c) eingebrachten Nukleinsäuren zusätzlich weitere Nukleinsäuren einzubringen, die für Enzyme des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren.

Im Prinzip können alle Gene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels vorteilhaft in Kombination mit der erfinderischen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase im Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren verwendet werden. Vorteilhaft werden Gene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) in Kombination mit der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase verwendet. Besonders bevorzugt werden Gene ausgewählt aus der Gruppe der  $\Delta$ -4-Desaturasen,  $\Delta$ -5-Desaturasen,  $\Delta$ -6-Desaturasen,  $\Delta$ -8-Desaturasen,  $\Delta$ -9-Desaturasen,  $\Delta$ -12-Desaturasen,  $\Delta$ -5-Elongasen,  $\Delta$ -6-Elongasen oder  $\Delta$ -9-Elongasen in Kombination mit der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet.

Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren, vorteilhaft in Kombination mit Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels wie  $\Delta$ -4-,  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-,  $\Delta$ -8-Desaturase- oder  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6- oder  $\Delta$ -9-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedlichste mehrfach ungesättigte Fettsäuren im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellt werden. Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Organismen

wie den vorteilhaften Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen mehrfach ungesättigten Fettsäure oder einzelne mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie EPA oder ARA in freier oder gebundener Form herstellen. Je nachdem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Fettsäuren, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder EPA. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2<sup>49,12</sup>) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur  $\alpha$ -Linolensäure (= ALA, C18:3<sup>49,12,15</sup>) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese beteiligten Enzyme Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase vorteilhaft in Kombination mit der  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-Desaturase und  $\Delta$ -6-Elongase, oder der  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -8-Desaturase und  $\Delta$ -9-Elongase oder in Kombination mit nur den ersten beiden Gene  $\Delta$ -6-Desaturase und  $\Delta$ -6-Elongase oder  $\Delta$ -8-Desaturase und  $\Delta$ -9-Elongase der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Organismen vorteilhaft in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellten. Durch die Aktivität der  $\Delta$ -6-Desaturase und  $\Delta$ -6-Elongase entstehen beispielsweise GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die  $\Delta$ -5-Desaturase zusätzlich in die Organismen vorteilhaft in die Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Dies gilt auch für Organismen in die vorher die  $\Delta$ -8-Desaturase und  $\Delta$ -9-Elongase eingebracht wurde. Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen synthetisiert, abhängig von der in im Organismus bzw. in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Organismen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA oder deren Mischungen.

Zur Steigerung der Ausbeute im beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triglyceriden mit einem vorteilhaft erhöhten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist es vorteilhaft die Menge an Ausgangsprodukt für die Fettsäuresynthese zu steigern, dies kann beispielsweise durch das Einbringen einer Nukleinsäure in den Organismus, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -12-Desaturase codiert, erreicht werden. Dies ist besonders vorteilhaft in Öl-produzierenden Organismen wie Raps, die einen hohen Ölsäuregehalt aufweisen. Da diese Organismen nur einen geringen Gehalt an Linolsäure aufweisen (Mikoklajczak et al., Journal of the American Oil Chemical Society, 38, 1961, 678 - 681) ist die Verwendung der genannten  $\Delta$ -12-Desaturasen zur Herstellung des Ausgangsprodukts Linolsäure vorteilhaft.

Im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren stammen vorteilhaft aus Pflanzen wie Algen wie *Isochrysis* oder *Cryptothecodinium*, Algen/Diatomeen wie *Phaeodactylum*, Moose wie *Physcomitrella* oder *Ceratodon* oder höheren Pflanzen wie den *Primulaceae* wie *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* oder

5 *Osteospermum hyoseroides*, Mikroorganismen wie Pilzen wie *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Mortierella*, Hefen oder Tieren wie Nematoden wie *Caenorhabditis*, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft stammen die Nukleinsäuren aus Pilzen, Tieren oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Nematoden wie *Caenorhabditis*.

- 10 Vorteilhaft werden im erfindungsgemäßen Verfahren die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität der durch Nukleinsäuresequenzen codierten Proteine besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination mit der für die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase codierenden Nukleinsäuresequenz in Expressionskonstrukte cloniert und zum Einbringen und zur Expression in Organismen verwendet. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen durch ihre Konstruktion eine vorteilhafte
- 15 optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten mehrfach ungesättigten Fettsäuren.

- 20 Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle oder eines ganzen Organismus, der die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen enthält, wobei die Zelle und/oder der Organismus mit der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz, die für die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase codiert, einem Genkonstrukt oder einem Vektor wie nachfolgend beschrieben, allein oder in Kombination mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Proteine des Fettsäure- oder Lipidsstoffwechsels codieren, transformiert wird. Bei einer
- 25 weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Bei der Kultur kann es sich beispielsweise um eine Fermentationskultur beispielsweise im Falle der Kultivierung von Mikroorganismen wie z.B. *Mortierella*, *Saccharomyces* oder *Traustochytrium* oder um eine Treibhaus oder Feldkultur einer Pflanze handeln. Die so hergestellte Zelle oder der so hergestellte Organismus ist vorteilhaft eine Zelle eines Öl-produzierenden Organismus wie einer Ölfuchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Hanf, Erdnuss, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

- 35 Unter Anzucht ist beispielsweise die Kultivierung im Falle von Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf oder in einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur, Blumentopferde oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

- 40 "Transgen" bzw. "Rekombinant" im Sinne der Erfindung bedeutet bezüglich zum Beispiel einer Nukleinsäuresequenz, einer Expressionskassette (= Genkonstrukt) oder einem Vektor enthaltend die erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenz oder einem Organismus transformiert mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Expres-

sionskassette oder Vektor alle solche durch gentechnische Methoden zustandegewonnenen Konstruktionen, in denen sich entweder

- a) die erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenz, oder
- b) eine mit der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz funktionell verknüpfte genetische Kontrollsequenz, zum Beispiel ein Promotor, oder
- c) (a) und (b)

sich nicht in ihrer natürlichen, genetischen Umgebung befinden oder durch gentechnische Methoden modifiziert wurden, wobei die Modifikation beispielhaft eine Substitution, Addition, Deletion, Inversion oder Insertion eines oder mehrerer Nukleotidreste sein kann. Natürliche genetische Umgebung meint den natürlichen genomischen bzw. chromosomalen Locus in dem Herkunftsorganismus oder das Vorliegen in einer genomischen Bibliothek. Im Fall einer genomischen Bibliothek ist die natürliche, genetische Umgebung der Nukleinsäuresequenz bevorzugt zumindest noch teilweise erhalten. Die Umgebung flankiert die Nukleinsäuresequenz zumindest an einer Seite und hat eine Sequenzlänge von mindestens 50 bp, bevorzugt mindestens 500 bp, besonders bevorzugt mindestens 1000 bp, ganz besonders bevorzugt mindestens 5000 bp. Eine natürlich vorkommende Expressionskassette - beispielsweise die natürlich vorkommende Kombination des natürlichen Promotors der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz mit dem entsprechenden Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase -Gen - wird zu einer transgenen Expressionskassette, wenn diese durch nicht-natürliche, synthetische ("künstliche") Verfahren wie beispielsweise einer Mutagenisierung geändert wird. Entsprechende Verfahren sind beispielsweise beschrieben in US 5,565,350 oder WO 00/15815.

Unter transgenen Organismus bzw. transgener Pflanze im Sinne der Erfindung ist wie vorgenannt zu verstehen, dass die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden. Transgen bedeutet aber auch wie genannt, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder dass die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Organismen sind Pilze wie *Mortierella* oder Pflanzen sind die Ölfuchtpflanzen.

Als Organismen bzw. Wirtsorganismen für die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die Expressionskassette oder den Vektor eignen sich prinzipiell vorteilhaft alle Organismen, die in der Lage sind Fettsäuren speziell ungesättigte Fettsäuren zu synthetisieren bzw. für die Expression rekombinanter Gene geeignet sind. Beispielhaft seien Pflanzen wie *Arabidopsis*, *Asteraceae* wie *Calendula* oder Kul-

turpflanzen wie Soja, Erdnuss, Rizinus, Sonnenblume, Mais, Baumwolle, Flachs, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, Färbersafflor (*Carthamus tinctorius*) oder Kakaobohne, Mikroorganismen wie Pilze beispielsweise die Gattung *Mortierella*, *Saprolegnia* oder *Pythium*, Bakterien wie die Gattung *Escherichia*, Hefen wie die Gattung *Saccharomyces*, Cyanobakterien, Ciliaten, Algen oder Protozoen wie Dinoflagellaten wie *Cryptocodinium* genannt. Bevorzugt werden Organismen, die natürlicherweise Öle in größeren Mengen synthetisieren können wie Pilze wie *Mortierella alpina*, *Pythium insidiosum* oder Pflanzen wie Soja, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, Färbersafflor, Flachs, Hanf, Rizinus, Calendula, Erdnuss, Kakaobohne oder Sonnenblume oder Hefen wie *Saccharomyces cerevisiae*, besonders bevorzugt werden Soja, Flachs, Raps, Färbersafflor, Sonnenblume, Calendula, *Mortierella* oder *Saccharomyces cerevisiae*. Prinzipiell sind als Wirtsorganismen neben den vorgenannten transgenen Organismen auch transgene Tiere vorteilhaft nicht-humane Tiere geeignet beispielsweise *C. elegans*.

Nutzbare Wirtszellen sind weiterhin genannt in: Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

Verwendbare Expressionsstämme z.B. solche, die eine geringere Proteaseaktivität aufweisen sind beschrieben in: Gottesman, S., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128.

Hierzu gehören Pflanzenzellen und bestimmte Gewebe, Organe und Teile von Pflanzen in all ihren Erscheinungsformen, wie Antheren, Fasern, Wurzelhaare, Stängel, Embryos, Kalli, Kotyledonen, Petiolen, Erntematerial, pflanzliches Gewebe, reproduktives Gewebe und Zellkulturen, das von der eigentlichen transgenen Pflanze abgeleitet ist und/oder dazu verwendet werden kann, die transgene Pflanze hervorzubringen.

Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten mehrfach ungesättigten Fettsäuren enthalten, können vorteilhaft direkt vermarktet werden ohne dass, die synthetisierten Öle, Lipide oder Fettsäuren isoliert werden müssen. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind ganze Pflanzen sowie alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane oder Pflanzenteile wie Blatt, Stiel, Samen, Wurzel, Knollen, Antheren, Fasern, Wurzelhaare, Stängel, Embryos, Kalli, Kotyledonen, Petiolen, Erntematerial, pflanzliches Gewebe, reproduktives Gewebe, Zellkulturen, die sich von der transgenen Pflanze ableiten und/oder dazu verwendet werden können, die transgene Pflanze hervorzubringen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Organismen vorteilhaft Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte mehrfach ungesättigten Fettsäuren lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflan-

zenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Im Falle von Mikroorganismen werden diese nach Ernte beispielsweise direkt ohne weitere Arbeitsschritte extrahiert oder aber nach Aufschluss über verschiedene dem Fachmann bekannte Methoden extrahiert. Auf diese Weise können mehr als 96 % der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst beispielsweise die Pflanzenschleime und Trübstoffe entfernt. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs bzw. LCPUFAs  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

Eine Ausführungsform der Erfindung sind deshalb Öle, Lipide oder Fettsäuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids, der Fettsäuren und/oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

Unter dem Begriff "Öl", "Lipid" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl, Lipid oder Fett einen hohen Anteil an mehrfach ungesättigten freien oder vorteilhaft veresterten Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure, Dihomog-linolensäure, Arachidonsäure,  $\alpha$ -Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure oder Docosahexaensäure hat. Vorzugsweise ist der Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30 %, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50 %, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60 %, 70 %, 80 % oder mehr. Zur Bestimmung kann z.B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in die Methylestern durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl, Lipid oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte

Fettsäuren, z.B. Calendulasäure, Palmitin-, Palmitolein-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangsorganismus der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl oder Fett schwanken.

- 5 Bei den im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit vorteilhaft mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich beispielsweise um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin, Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

- 10 Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit vorteilhaft mindestens zwei Doppelbindungen lassen sich die enthaltenen mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wäßrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z.B.  $H_2SO_4$ . Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

- 20 Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen Expression in die Organismen vorteilhaft zur multiparallelen samenspezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

- 30 Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

- 40 Als Substrate der im erfindungsgemäßen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen werden vorteilhaft  $C_{16}$ -,  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Fettsäuren verwendet.



Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen die mehrfach ungesättigten C<sub>16</sub>- oder C<sub>18</sub>-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C<sub>18</sub>- oder C<sub>20</sub>-Fettsäuren, und nach zwei oder drei Elongationsrunden zu C<sub>22</sub>- oder C<sub>24</sub>-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren vorteilhaft mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevorzugt zu C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z.B. eine solche in  $\Delta$ -5-Position erfolgen. Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure und/oder Docosahexaensäure. Die C<sub>18</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

Der bevorzugte Biosyntheseort von Fettsäuren, Ölen, Lipiden oder Fette in den vorteilhaft verwendeten Pflanzen ist beispielsweise im allgemeinen der Samen oder Zellschichten des Samens, so dass eine samenspezifische Expression der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren sinnvoll ist. Es ist jedoch naheliegend, dass die Biosynthese von Fettsäuren, Ölen oder Lipiden nicht auf das Samengewebe beschränkt sein muss, sondern auch in allen übrigen Teilen der Pflanze - beispielsweise in Epidermiszellen oder in den Knollen - gewebespezifisch erfolgen kann.

Werden im erfindungsgemäßen Verfahren als Organismen Mikroorganismus wie Hefen wie *Saccharomyces* oder *Schizosaccharomyces*, Pilze wie *Mortierella*, *Aspergillus*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Traustochytrium* Algen wie *Isochrysis*, *Phaeodactylum* oder *Cryptocodinium* verwendet, so werden diese Organismen vorteilhaft fermentativ angezogen.

Durch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren, die für Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen codieren, können im Verfahren die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren mindestens um 10 %, bevorzugt mindestens um 15 %, besonders bevorzugt mindestens um 20 %, ganz besonders bevorzugt um mindestens 50 % gegenüber dem Wildtyp der Organismen, die die Nukleinsäuren nicht rekombinant enthalten, erhöht werden.

Durch das erfindungsgemäße Verfahren können die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren in den im Verfahren verwendeten Organismen prinzipiell auf zwei Arten erhöht werden. Es kann vorteilhaft der Pool an freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren und/oder der Anteil der über das Verfahren hergestellten veresterten mehr-

fach ungesättigten Fettsäuren erhöht werden. Vorteilhaft wird durch das erfindungsgemäße Verfahren der Pool an veresterten mehrfach ungesättigten Fettsäuren in den transgenen Organismen erhöht.

- 5 Werden im erfindungsgemäßen Verfahren als Organismen Mikroorganismen verwendet, so werden sie je nach Wirtsorganismus in dem Fachmann bekannter Weise angezogen bzw. gezüchtet. Mikroorganismen werden in der Regel in einem flüssigen Medium, das eine Kohlenstoffquelle meist in Form von Zuckern, eine Stickstoffquelle meist in Form von organischen Stickstoffquellen wie Hefeextrakt oder Salzen wie Ammoniumsulfat, Spurenelemente wie Eisen-, Mangan-, Magnesiumsalze und gegebenenfalls
- 10 Vitamine enthält, bei Temperaturen zwischen 0 °C und 100 °C, bevorzugt zwischen 10 °C bis 60 °C unter Sauerstoffbegasung angezogen. Dabei kann der pH der Nährflüssigkeit auf einen festen Wert gehalten werden, das heißt während der Anzucht reguliert werden oder nicht. Die Anzucht kann batch weise, semi batch weise oder kontinuierlich erfolgen. Nährstoffe können zu Beginn der Fermentation vorgelegt oder semi-
- 15 kontinuierlich oder kontinuierlich nachgefüllt werden. Die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren können nach dem Fachmann bekannten Verfahren wie oben beschrieben aus den Organismen isoliert werden. Beispielsweise über Extraktion, Destillation, Kristallisation, ggf. Salzfällung und/oder Chromatographie. Die Organismen können dazu vorher noch vorteilhaft aufgeschlossen werden.
- 20 Das erfindungsgemäße Verfahren wird, wenn es sich bei den Wirtsorganismen um Mikroorganismen handelt, vorteilhaft bei einer Temperatur zwischen 0 °C bis 95 °C, bevorzugt zwischen 10 °C bis 85 °C, besonders bevorzugt zwischen 15 °C bis 75 °C, ganz besonders bevorzugt zwischen 15 °C bis 45 °C durchgeführt
- 25 Der pH-Wert wird dabei vorteilhaft zwischen pH 4 und 12, bevorzugt zwischen pH 6 und 9, besonders bevorzugt zwischen pH 7 und 8 gehalten.
- 30 Das erfindungsgemäße Verfahren kann batchweise, semi-batchweise oder kontinuierlich betrieben werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) zu finden.
- 35 Das zu verwendende Kulturmedium hat in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme zu genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods für General Bacteriology" der American Society für Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) enthalten.
- Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Medien umfassen wie oben beschrieben gewöhnlich eine oder mehrere Kohlenstoffquellen, Stickstoffquellen, anorganische Salze, Vitamine und/oder Spurenelemente.

Bevorzugte Kohlenstoffquellen sind Zucker, wie Mono-, Di- oder Polysaccharide. Sehr gute Kohlenstoffquellen sind beispielsweise Glucose, Fructose, Mannose, Galactose, Ribose, Sorbose, Ribulose, Lactose, Maltose, Saccharose, Raffinose, Stärke oder Cellulose. Man kann Zucker auch über komplexe Verbindungen, wie Melassen, oder andere Nebenprodukte der Zucker-Raffinierung zu den Medien geben. Es kann auch vorteilhaft sein, Gemische verschiedener Kohlenstoffquellen zuzugeben. Andere mögliche Kohlenstoffquellen sind Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und/oder Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und/oder Linolsäure, Alkohole und/oder Polyalkohole wie z. B. Glycerin, Methanol und/oder Ethanol und/oder organische Säuren wie z. B. Essigsäure und/oder Milchsäure.

Stickstoffquellen sind gewöhnlich organische oder anorganische Stickstoffverbindungen oder Materialien, die diese Verbindungen enthalten. Beispielhafte Stickstoffquellen umfassen Ammoniak in flüssiger- oder gasform oder Ammoniumsalze, wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat oder Ammoniumnitrat, Nitrate, Harnstoff, Aminosäuren oder komplexe Stickstoffquellen, wie Maisquellwasser, Sojamehl, Sojaprotein, Hefeextrakt, Fleischextrakt und andere. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Anorganische Salzverbindungen, die in den Medien enthalten sein können, umfassen die Chlorid-, Phosphor- oder Sulfatsalze von Calcium, Magnesium, Natrium, Kobalt, Molybdän, Kalium, Mangan, Zink, Kupfer und Eisen.

Als Schwefelquelle für die Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere von Methionin, können anorganische schwefelhaltige Verbindungen wie beispielsweise Sulfate, Sulfite, Dithionite, Tetrathionate, Thiosulfate, Sulfide aber auch organische Schwefelverbindungen, wie Mercaptane und Thiole, verwendet werden.

Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.

Chelatbildner können zum Medium gegeben werden, um die Metallionen in Lösung zu halten. Besonders geeignete Chelatbildner umfassen Dihydroxyphenole, wie Catechol oder Protocatechuat, oder organische Säuren, wie Citronensäure.

Die erfindungsgemäß zur Kultivierung von Mikroorganismen eingesetzten Fermentationsmedien enthalten üblicherweise auch andere Wachstumsfaktoren, wie Vitamine oder Wachstumsförderer, zu denen beispielsweise Biotin, Riboflavin, Thiamin, Folsäure, Nikotinsäure, Panthothemat und Pyridoxin gehören. Wachstumsfaktoren und Salze stammen häufig von komplexen Medienkomponenten, wie Hefeextrakt, Melassen, Maisquellwasser und dergleichen. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genaue Zusammensetzung der Medienverbindungen hängt stark vom jeweiligen Experiment ab und wird für jeden spezifischen Fall individuell entschieden. Information über die Medienoptimierung ist erhältlich aus dem Lehrbuch "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F.

Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Wachstumsmedien lassen sich auch von kommerziellen Anbietern beziehen, wie Standard 1 (Merck) oder BHI (Brain heart infusion, DIFCO) und dergleichen.

5 Sämtliche Medienkomponenten werden, entweder durch Hitze (20 min bei 1,5 bar und 121°C) oder durch Sterilfiltration, sterilisiert. Die Komponenten können entweder zusammen oder nötigenfalls getrennt sterilisiert werden. Sämtliche Medienkomponenten können zu Beginn der Anzucht zugegen sein oder wahlfrei kontinuierlich oder chargenweise hinzugegeben werden.

10 Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise zwischen 15°C und 45°C, vorzugsweise bei 25°C bis 40°C und kann während des Experimentes konstant gehalten oder verändert werden. Der pH-Wert des Mediums sollte im Bereich von 5 bis 8,5, vorzugsweise um 7,0 liegen. Der pH-Wert für die Anzucht lässt sich während der Anzucht durch Zugabe von basischen Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder sauren Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure kontrollieren. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z. B. Fettsäurepolyglykolester, eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie z. B. Antibiotika, hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen, wie z. B. Umgebungsluft, in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

25 Die so erhaltenen, insbesondere mehrfach ungesättigte Fettsäuren enthaltenden, Fermentationsbrühen haben üblicherweise eine Trockenmasse von 7,5 bis 25 Gew.-%.

30 Die Fermentationsbrühe kann anschließend weiterverarbeitet werden. Je nach Anforderung kann die Biomasse ganz oder teilweise durch Separationsmethoden, wie z. B. Zentrifugation, Filtration, Dekantieren oder einer Kombination dieser Methoden aus der Fermentationsbrühe entfernt oder vollständig in ihr belassen werden. Vorteilhaft wird die Biomasse nach Abtrennung aufgearbeitet.

35 Die Fermentationsbrühe kann aber auch ohne Zellabtrennung mit bekannten Methoden, wie z. B. mit Hilfe eines Rotationsverdampfers, Dünnschichtverdampfers, Fallfilmverdampfers, durch Umkehrosmose, oder durch Nanofiltration, eingedickt beziehungsweise aufkonzentriert werden. Diese aufkonzentrierte Fermentationsbrühe kann schließlich zur Gewinnung der darin enthaltenen Fettsäuren aufgearbeitet werden.

Die im Verfahren gewonnenen Fettsäuren eignen sich auch als Ausgangsmaterial für die chemische Synthese von weiteren Wertprodukten. Sie können beispielsweise in Kombination miteinander oder allein zur Herstellung von Pharmaka, Nahrungsmittel, Tierfutter oder Kosmetika verwendet werden.

Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen spezifisch C<sub>16</sub>-, C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens einer Doppelbindungen im Fettsäuremolekül umsetzen.

Vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 aufweisen und eine Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität aufweisen.

Vorteilhaft stammen die oben genannten Nukleinsäuresequenzen aus einem eukaryontischen Organismus.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für Proteine mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Aktivität codieren oder für Proteine des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels, werden vorteilhaft in einer Expressionskassette (= Nukleinsäurekonstrukt), die die Expression der Nukleinsäuren in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanze oder einem Mikroorganismus ermöglicht, eingebracht.

Zum Einbringen werden die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren vorteilhaft einer Amplifikation und Ligation in bekannter Weise unterworfen. Vorzugsweise geht man in Anlehnung an das Protokoll der Pfu-DNA-Polymerase oder eines Pfu/Taq-DNA-Polymerasegemisches vor. Die Primer werden in Anlehnung an die zu amplifizierende Sequenz gewählt. Zweckmäßigerweise sollten die Primer so gewählt werden, dass das Amplifikat die gesamte kodogene Sequenz vom Start- bis zum Stop-Kodon umfasst. Im Anschluss an die Amplifikation wird das Amplifikat zweckmäßigerweise analysiert. Beispielsweise kann die Analyse nach gelelektrophoretischer Auftrennung hinsichtlich Qualität und Quantität erfolgen. Im Anschluss kann das Amplifikat nach einem Standardprotokoll gereinigt werden (z.B. Qiagen). Ein Aliquot des gereinigten Amplifikats steht dann für die nachfolgende Klonierung zur Verfügung. Geeignete Klonierungsvektoren sind dem Fachmann allgemein bekannt. Hierzu gehören insbesondere Vektoren, die in mikrobiellen Systemen replizierbar sind, also vor allem Vektoren, die eine effi-

ziente Klonierung in Hefen oder Pilze gewährleisten, und die stabile Transformation von Pflanzen ermöglichen. Zu nennen sind insbesondere verschiedene für die T-DNA-vermittelte Transformation geeignete, binäre und co-integrierte Vektorsysteme. Derartige Vektorsysteme sind in der Regel dadurch gekennzeichnet, dass sie zumindest die für die Agrobakterium-vermittelte Transformation benötigten vir-Gene sowie die T-DNA begrenzenden Sequenzen (T-DNA-Border) beinhalten. Vorzugsweise umfassen diese Vektorsysteme auch weitere cis-regulatorische Regionen wie Promotoren und Terminatoren und/oder Selektionsmarker, mit denen entsprechend transformierte Organismen identifiziert werden können. Während bei co-integrierten Vektorsystemen vir-Gene und T-DNA-Sequenzen auf demselben Vektor angeordnet sind, basieren binäre Systeme auf wenigstens zwei Vektoren, von denen einer vir-Gene, aber keine T-DNA und ein zweiter T-DNA, jedoch kein vir-Gen trägt. Dadurch sind letztere Vektoren relativ klein, leicht zu manipulieren und sowohl in *E. coli* als auch in *Agrobacterium* zu replizieren. Zu diesen binären Vektoren gehören Vektoren der Serien pBIB-HYG, pPZP, pBecks, pGreen. Erfindungsgemäß bevorzugt verwendet werden Bin19, pBI101, pBinAR, pGPTV und pCAMBIA. Eine Übersicht über binäre Vektoren und ihre Verwendung gibt Hellens et al, Trends in Plant Science (2000) 5, 446–451. Für die Vektorpräparation können die Vektoren zunächst mit Restriktionsendonuklease(n) linearisiert und dann in geeigneter Weise enzymatisch modifiziert werden. Im Anschluss wird der Vektor gereinigt und ein Aliquot für die Klonierung eingesetzt. Bei der Klonierung wird das enzymatisch geschnittenen und erforderlichenfalls gereinigten Amplifikat mit ähnlich präparierten Vektorfragmenten mit Einsatz von Ligase kloniert. Dabei kann ein bestimmtes Nukleinsäurekonstrukt bzw. Vektor- oder Plasmidkonstrukt einen oder auch mehrere kodogene Genabschnitte aufweisen. Vorzugsweise sind die kodogenen Genabschnitte in diesen Konstrukten mit regulatorischen Sequenzen funktional verknüpft. Zu den regulatorischen Sequenzen gehören insbesondere pflanzliche Sequenzen wie die oben beschriebenen Promotoren und Terminatoren. Die Konstrukte lassen sich vorteilhafterweise in Mikroorganismen, insbesondere *Escherichia coli* und *Agrobacterium tumefaciens*, unter selektiven Bedingungen stabil propagieren und ermöglichen einen Transfer von heterologer DNA in Pflanzen oder Mikroorganismen.

Unter der vorteilhaften Verwendung von Klonierungsvektoren können die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die erfinderischen Nukleinsäuren und Nukleinsäurekonstrukte in Organismen wie Mikroorganismen oder vorteilhaft Pflanzen eingebracht werden und damit bei der Pflanzentransformation verwendet werden, wie denjenigen, die veröffentlicht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; B. Jené et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)). Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die erfinderischen Nukleinsäuren und Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren lassen sich damit zur gentechnologischen Veränderung

eines breiten Spektrums an Organismen vorteilhaft an Pflanzen verwenden, so dass diese bessere und/oder effizientere Produzenten von PUFAs werden.

Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer Ölfuchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund eines veränderten Proteins direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen von Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder Elongasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen der produzierten Verbindungen de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur Biosynthese vor dem Einbringen des/der entsprechenden Gens/Gene fehlte. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Fettsäure- und Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d.h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z.B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

Durch das Einbringen eines Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-, Desaturase- und/oder Elongase-Gens oder mehrerer Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen-, Desaturase- und/oder Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöht, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöht oder de novo geschaffen werden. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität anderer Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z.B. Fettsäuren, polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicherkompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fettsäuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-, Desaturasen und/oder Elongasen, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Desaturasen, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Organismen und vorteilhaft aus Pflanzen zu steigern.

Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teile von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teile davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 ist, so dass das Protein oder der Teil davon eine Acyl-

CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, noch seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen oder Lipidkörperchen in Organismen vorteilhaft in Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen noch hat. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 40 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 %, 80 % oder 90 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8. Vorteilhafte Ausführungsformen der erfindungsgemäßen Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2 sind Aminosäuresequenzen, die an Position 30 der SEQ ID NO: 2 anstelle des vorhandenen Methionin einen Valinrest haben oder in Position 100 anstelle des vorhandenen Serin einen Glycinrest haben oder in Position 170 anstelle des vorhandenen Phenylalanin einen Serinrest haben. Diese werden in SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 bzw. SEQ ID NO: 8 wiedergegeben. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenz mit SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 und deren Derivate codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10 %, bevorzugt 20 %, besonders bevorzugt 30 % und ganz besonders 40 % aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C16-, C18- oder C20-24-Kohlenstoffketten mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint ist.

Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Isochrysis*, *Aleurita*, *Muscarioides*, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Crypthecodinium* oder aus Nematoden wie *Caenorhabditis*, speziell aus den Gattungen und Arten *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricornutum* oder besonders vorteilhaft aus *Caenorhabditis elegans*.

Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 hybridisieren, z.B. unter stringenten Bedingungen hybridisieren.



Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Organismen wie Mikroorganismen oder Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

5 Dabei werden die für die erfinderische Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, die verwendeten Desaturasen und/oder die Elongasen codierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren. Die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Gene sowie die vorteilhaft verwendeten  $\Delta$ -4-Desaturase-,  $\Delta$ 5-Desaturase-,  $\Delta$ -6-Desaturase- und/oder  $\Delta$ -8-Desaturase-Gene und/oder die  $\Delta$ -5-Elongase-,  $\Delta$ -6-Elongase- und/oder  $\Delta$ -9-Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtsorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem - oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

40 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie

Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

5 Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 oder dessen Derivate definiert sind und für Polypeptide gemäß SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 kodieren. Die genannten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen führen dabei zu einem Austausch der Fettsäuren zwischen dem Mono-, Di- und/oder Triglyceridpool der Zelle und dem CoA-Fettsäureester-Pool, wobei das Substrat vorteilhaft ein, zwei, drei, vier oder 10 fünf Doppelbindungen aufweist und vorteilhaft 16, 18, 20, 22 oder 24 Kohlenstoffatome im Fettsäuremolekül aufweist. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

15 Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacIq*-, *T7*-, *T5*-, *T3*-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, *SP6*-,  $\lambda$ -PR- oder  $\lambda$ -PL-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren *amy* und *SPO2*, in den Hefe- oder Pilzpromotoren *ADC1*, *MF $\alpha$* , *AC*, *P-60*, *CYC1*, *GAPDH*, *TEF*, *rp28*, *ADH* oder in den Pflanzenpromotoren *CaMV/35S* [Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294], *PRP1* [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], *SSU*, *OCS*, *lib4*, *usp*, *STLS1*, *B33*, *nos* oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992:397–404 (Gatz et al., Tetracyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisinäure-induzierbar) oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus Glycine max (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber 35 auch andere Promotoren wie der *LeB4*-, *DC3*, Phaseolin- oder Napin-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und in US 5,608,152 (Napin-Promotor aus Raps), WO 98/45461 (Oleosin-Promotor aus Arabidopsis), US 5,504,200 (Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris), WO 91/13980 (*Bce4*-Promotor aus Brassica), von Baumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992:233–239 (*LeB4*-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen *lpt-2*- oder *lpt-1*-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und 40

WO 95/23230), Hordein-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden, besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z.B. beschrieben in WO 99/16890.

Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs vor allem in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samenspezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und Vicilin (*Vicia faba*) [Bäumlein et al., Mol. Gen. Genet., 1991, 225(3)], Napin (Raps) [US 5,608,152], Acyl-Carrier Protein (Raps) [US 5,315,001 und WO 92/18634], Oleosin (*Arabidopsis thaliana*) [WO 98/45461 und WO 93/20216], Phaseolin (*Phaseolus vulgaris*) [US 5,504,200], Bce4 [WO 91/13980], Leguminosen B4 (LegB4-Promotor) [Bäumlein et al., Plant J., 2,2, 1992], Lpt2 und Lpt1 (Gerste) [WO 95/15389 u. WO 95/23230], Samen-spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 und Aleurain [US 5,677,474], Bce4 (Raps) [US 5,530,149], Glycinin (Soja) [EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder  $\alpha$ -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, die vorteilhafte  $\Delta$ -4-Desaturase, die  $\Delta$ -5-Desaturase, die  $\Delta$ -6-Desaturase, die  $\Delta$ -8-Desaturase und/oder die  $\Delta$ -5-Elongase, die  $\Delta$ -6-Elongase und/oder die  $\Delta$ -9-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinationsereignissen führen können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu exprimierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wiederholt sich mehrfach be-

vorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal. Die Nukleinsäuresequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsereignissen führen.

Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z.B. der OCS1 Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.

Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet. Besonders vorteilhafte Nukleinsäuresequenzen sind Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe der  $\Delta$ -4-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Desaturase-,  $\Delta$ -6-Desaturase-,  $\Delta$ -8-Desaturase-,  $\Delta$ -9-Desaturase-,  $\Delta$ -12-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Elongase-,  $\Delta$ -6-Elongase- oder  $\Delta$ -9-Elongase.

Dabei können die vorgenannten Desaturasen in Kombination mit anderen Elongasen und Desaturasen in erfindungsgemäßen Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.

5 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

10 Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels wie  $\Delta$ -4-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Desaturase-,  $\Delta$ -6-Desaturase-,  $\Delta$ -8-Desaturase-,  $\Delta$ -9-Desaturase-,  $\Delta$ -12-Desaturase-,  $\Delta$ -5-Elongase-,  $\Delta$ -6-Elongase- und/oder  $\Delta$ -9-Elongase. Wie hier verwendet, betrifft der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z.B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressionsvektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen, wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

35 Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die die unten beschriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz

funktionsfähig verbunden ist, umfasst. In einem rekombinanten Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotidsequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z.B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z.B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89-108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-, Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology. 1, 3:239-251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturaseudocohnilembus, Euplotes, Engelmaniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S.71-119 (1993); F.F. White, B. Jené et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant

Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind u.a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., und Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u.a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten  $\lambda$ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.

Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III113-B1,  $\lambda$ gt11 or pBdCl, in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYe-Desaturase1 (Baldari et al. (1987) Embo J. 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) Cell 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) Gene 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of fungi, J.F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: More Gene Manipulations in Fungi [J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego].

Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEpl6, YEpl3 oder pEMBLye23.

Alternativ können die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (z.B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) Mol. Cell Biol. 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Luckiow und Summers (1989) Virology 170:31-39).

Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: Cloning Vectors (Hrsgb. Pouwels, P.H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F., und Maniatis, T., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

Bei einer weiteren Ausführungsform des Verfahrens können die Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-Acyltransferasen, Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology 1 (3):239-251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z.B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", Plant Mol. Biol. 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", Nucl. Acids Res. 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-T-DNA stammen, wie das als Octopinsynthese bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

Da die Pflanzengenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette vorzugsweise andere funktionsfähig verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Prote-



in/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15:8693-8711).

5 Die Pflanzengenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

10 Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in Pflanzengenexpressions-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Übersicht in Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

15 Die Pflanzengenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

25 Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), der hitzeinduzierbare hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alphaamylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375 091).

30 Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Fettsäure-, Lipid- und Ölbiosynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napingen-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), der Oleosin-Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-

Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen allein oder in Kombination mit Desaturasen und/oder Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.

Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion, wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z.B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Copräzipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Mikroorganismen, wie Pilze oder Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee),

Salix-Arten, Bäume (Ölplame, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte: Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

- 5 Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind wie oben beschrieben isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen spezifisch C<sub>16</sub>-, C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens einer Doppelbindungen im Fettsäuremolekül umsetzen.
- 10 Vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:
- d) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Sequenz,
  - 15 e) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 enthaltenden codierenden Sequenz ableiten lassen
  - f) 20 Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 dargestellten Aminosäuresequenz codieren und mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 aufweisen und eine Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität aufweisen.
- 25 Die oben genannte erfindungsgemäßen Nukleinsäuren stammen von Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen oder Dinoflagellaten, die PUFAs synthetisieren können.
- 30 Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst in einer vorteilhaften Ausführungsform zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200, besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des 5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt 50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z.B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasemolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5
- 35

kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z.B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Vergleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungssonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z.B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z.B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299) und cDNA mittels Reverser Transkriptase (z.B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

Homologe der verwendeten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 40 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 % oder 90 bis 95 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren

- Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z.B. unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die enzymatische Aktivität der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10 %, vorzugsweise 20 %, besonders bevorzugt 30 %, ganz besonders bevorzugt 40 % der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 kodierten Protein.
- Homologen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 bedeuten beispielsweise auch bakterielle, Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.
- Homologen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaustausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar aus heterologen Organismen, ersetzt werden.
- Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von PUFAs in transgenen Organismen vorteilhaft in Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein, Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futterfeldfrüchten, entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat) verwendet und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der PU-

FAs oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z.B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosyntheseenzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F.C. Neidhardt et al. (1996) *E. coli* und *Salmonella*. ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) *Biology of Prokaryotes*. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) *Microbiological Reviews* 57:522-542 und die enthaltenen Literaturstellen). Die so hergestellten an Phospholipide gebundenen Fettsäuren müssen anschließend wieder für die weitere Elongationen aus den Phospholipiden in den FettsäureCoA-Ester-Pool überführt werden. Dies ermöglichen die erfindungsgemäßen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen. Weiterhin können diese Enzyme die elongierten Fettsäuren wieder von den CoA-Estern auf die Phospholipide übertragen. Diese Reaktionsabfolge kann gegebenenfalls mehrfach durchlaufen werden (siehe Figur 10).

Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese  $C_{18}$ -Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf  $C_{20}$  und  $C_{22}$  verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosa- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, vorteilhaft in Kombination mit Desaturasen wie der  $\Delta$ -4-,  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6- und  $\Delta$ -8-Desaturasen und/oder der  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-,  $\Delta$ -9-Elongase können Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure oder Docosahexaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ -, und/oder  $C_{22}$ -Fettsäuren mit mindestens

zwei vorteilhaft mindestens drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu C<sub>20</sub>-, und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die

5 Produkte der Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C<sub>20</sub> zu C<sub>22</sub>-Fettsäuren, zu Fettsäuren wie  $\gamma$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Substrate Substrat der Acyl-CoA:Lysophospholipid-

10 Acyltransferasen im erfindungsgemäßen Verfahren sind C<sub>16</sub>-, C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren wie zum Beispiel Palmitinsäure, Palmitoleinsäure, Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure,  $\alpha$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte Substrate sind Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure und/oder  $\alpha$ -

15 Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch  
20 ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z.B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder andere Substanzen enthalten.

Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft  
25 genannt.

Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyltransferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5):161-166).  
30

Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäuremodifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Gühnemann-Schäfer &  
35  
40

Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256:181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34:267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1):1-16.

- 5 Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr ausreichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure nicht mehr synthetisieren.
- 10

Der Begriff " Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen " im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die am Transfer der an Phospholipide gebundenen Fettsäuren in den CoA-Ester-Pool und vice versa teilnehmen, sowie ihre Homologen, Derivaten oder Analoga. Unter Phospholipiden im Sinne der Erfindung sind zu verstehen Phosphatidylcholin, Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerin, und/oder Phosphatidylinositol vorteilhafterweise Phosphatidylcholin. Die Begriffe Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen Nukleinsäuresequenzen, die eine Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase kodieren und bei denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen gebildet wird (z.B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z.B. wie lange die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt (d.h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Erhöhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Biosyntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe Abbau oder Abbauweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt, kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoffwechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden. Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z.B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Ge-

5

20

25

30

35

40



samtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbauege dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls wieder gegeben in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 Proteine mit mindestens 40 %, vorteilhaft etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 %, 90 bis 95 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8. Die Homologie wurde über den gesamten Aminosäure- bzw. Nukleinsäuresequenzbereich berechnet. Für die Sequenzvergleiche wurde das Programm PileUp verwendet (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5 1989: 151-153) oder die Programme Gap und BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443-453 (1970) und Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2: 482-489 (1981))], die im GCG Software-Packet [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)] enthalten sind. Die oben in Prozent angegebenen Sequenzhomologie-werte wurden mit dem Programm BestFit über den gesamten Sequenzbereich mit folgenden Einstellungen ermittelt: Gap Weight: 8, Length Weight: 2.

Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase kodieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 gezeigten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Gen können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz des Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäurepolymorphismen in der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Nukleinsäuren unter Verwendung der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-

Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60 % homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, die mindestens etwa 65 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75 % oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in 6 x Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in 0,2 x SSC, 0,1 % SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis 5 x SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50 % Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8) oder von zwei Nukleinsäuren (z.B. SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z.B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem

anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d.h. Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d.h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der Positionen x 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen. Die verwendeten Programme bzw. Algorithmen sind oben beschrieben.

Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6 oder SEQ ID NO: 8 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 durch Standardtechniken, wie stellenspezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, eingebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin, Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z.B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-kodierenden Sequenz eingebracht werden, z.B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase-Aktivität beibehalten haben. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5 oder SEQ ID NO: 7 kann das kodierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z.B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefasst werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

## 5 Beispiele

### Beispiel 1: Allgemeine Verfahren

#### a) Allgemeine Klonierungsverfahren:

10 Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation von *Escherichia coli*- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

#### b) Chemikalien

20 Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p. A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm), Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H<sub>2</sub>O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendonukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie nach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

#### c) Klonierung und Expression von Desaturasen und Elongasen

30 Der *Escherichia coli*-Stamm XL1 Blue MRF<sup>+</sup> kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der  $\Delta$ -6-Desaturase aus *Physcomitrella patens* verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens wurde der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.) verwendet. *E. coli* wurde in Luria-Bertani-Brühe (LB, Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter) zugegeben, und 35 1,5 % Agar (Gew./Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. *S. cerevisiae* wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimalmedium ohne Uracil (CMdum; siehe in: Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K., Albright, L.B., Coen, D.M., und Varki, A. (1995) Current

Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York) mit entweder 2 % (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2 % (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco) hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

5 d) Klonierung und Expression PUFA-spezifischer Desaturasen und Elongaen

Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus SEQ ID NO: 9, 11 oder 13 so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligonukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet, dass eine Konsensussequenz vor dem Startcodon zur effizienten Translation eingehalten wurde. Entweder wurde hierzu die Basenfolge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz eingefügt [Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic ribosomes, Cell 44, 283-292]. Vor diesem Konsensustriplett wurde zusätzlich eine Restriktionschnittstelle eingeführt, die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors, in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen soll.

Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem Thermocycler (Biotetra) mit der Pfu-DNA-(Stratagene) Polymerase und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C, gefolgt von 30 Zyklen mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Syntheszeit von etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss auf die PCR haben wie z.B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc., sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf variiert werden.

Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN) extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphorylierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden. Nach der Transformation von E. coli XL1 Blue MRF' kan wurde eine DNA-Minipräparation [Riggs, M.G., & McLachlan, A. (1986) A simplified screening procedure for large numbers of plasmid mini-preparation. BioTechniques 4, 310-313] an ampicillinresistenten Transformanden durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-Restriktionsanalyse identifiziert.

35 Die Sequenz des klonierten PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

## e) Transformation von Agrobacterium

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation wurde, wenn nicht anders beschrieben, wie von Deblaere et al. (1984, Nucl. Acids Res. 13, 4777-4788) mit Hilfe eines Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt.

## 5 f) Pflanzentransformation

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation wurde, wenn nicht anders beschrieben, unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerationstechniken durchgeführt (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale  
10 Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E., Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

15 Nach diesen kann beispielsweise Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyltransformation transformiert werden (Moloney et al., Plant Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989) 694-701). Die Verwendung von Antibiotika für die Agrobacterium- und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die Rapsselektion wird dabei gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

20 Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispielsweise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International) oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

25 Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchenbeschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise beschrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993) ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

30 Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (Linum usitatissimum) wurde, wenn nicht anders beschrieben, wie bei Mlynarova et al. [(1994) Plant Cell Report 13:282-285] beschriebenen Technik durchgeführt.

## g) Plasmide für die Pflanzentransformation

35 Zur Pflanzentransformation wurden binäre Vektoren auf Basis der Vektoren pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221-230) oder pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20:1195-1197) verwendet. Die Konstruktion der binären Vektoren, die die zu exprimierenden Nukleinsäuren enthalten, erfolgt durch Ligation der cDNA in Sense-Orientierung in die T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet sich 3'

von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschiedliche Markergene tragen wie beispielsweise das Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) [Ott et al., J. Mol. Biol. 1996, 263:359-360], das eine Resistenz gegen die Imidazolinone vermittelt oder das nptII-Markergen, das für eine Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycinphosphotransferase codiert.

Die gewebespezifische Expression der Nukleinsäuren lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Wenn nicht anders beschrieben wurde der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Als Terminatoren wurde der NOS-Terminator und der OCS-Terminator verwendet (siehe Figur 8). Figur 8 zeigt eine Vektorkarte des zur Expression verwendeten Vektor pSUN3CeLPLAT.

Auch jedes andere samenspezifische Promotorelement wie z.B. der Napin- oder Arceolin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4):1095-1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1-2):87-98) kann verwendet werden.

Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanzen lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1 Promotor verwenden.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen; Desaturasen oder Elongasen codieren, wurden durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor kloniert, um den Stoffwechselweg in Pflanzen nachzubilden.

Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kernmode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

Beispiele für Multiexpressionskassetten wurden in 102 19 203 offenbart und sind im folgenden nochmals wiedergegeben.

#### i.) Promotor-Terminator-Kassetten

Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau der Expressionskassetten wurden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67); OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

USP1 vorne:

- CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA -

USP2 vorne:

5 - CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA -

USP3 vorne:

- CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA -

USP1 hinten:

- AAAACTGCAGGCGGCCGCCACCGCGGTGGGCTGGCTATGAAGAAATT -

10 USP2 hinten:

- CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT -

USP3 hinten:

- TCCCCCGGGATCGATGCCGGCAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT -

OCS1 vorne:

15 - AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCCTGCTTTAATGAGATAT -

OCS2 vorne:

- CGCGGATCCGATATCGGGCCCGCTAGCGTTAACCCTGCTTTAATGAGATAT -

OCS3 vorne:

- TCCCCCGGGCCATGGCCTGCTTTAATGAGATAT -

20 OCS1 hinten:

- CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA -

OCS2 hinten:

- CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA -

OCS3 hinten:

25 - CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA -

Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

In einem ersten Schritt wurden ein Promotor und ein Terminator über PCR amplifiziert. Dann wurde der Terminator in ein Empfängerplasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor den Terminator inseriert. Dadurch wurde eine Expressionskassette in das Basis-Plasmid kloniert. Auf Basis des Plamides pUC19 wurden so die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

30



Die entsprechenden Konstrukte bzw. Plasmide sind in SEQ ID NO: 15, 16 bis 17 definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator. Auf Basis dieser Plasmide wurde das Konstrukt pUT12 erstellt, indem pUT1 mittels SalI/Scal geschnitten wurde und pUT2 mittels XhoI/Scal geschnitten wurde. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente wurden ligiert und in E. coli XL1 blue MRF transformiert. Es wurde nach Vereinzelung von ampicillinresistenten Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/SalI Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnittstellen XhoI und SalI zwischen den Expressionskassetten eliminiert. Das resultierende Plasmid pUT12 wird in SEQ ID NO: 18 wiedergegeben. Anschließend wurde pUT12 wiederum mittels SalI/Scal geschnitten und pUT3 mittels XhoI/Scal geschnitten. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente wurden ligiert und in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wurde wieder nach Vereinzelung aus ampicillinresistenten Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressionskassetten enthalten. Auf diese Weise wurde ein Set von Multiexpressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion gewünschter DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

Diese enthalten folgende Elemente:

20 Tabelle 1

PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
PUT12 Doppel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI Und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT123 Tripel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- 5 iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263:359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren  
10 aufgebaut werden.

Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 23 bis 25 zu entnehmen.

Tabelle 2: Multiple Expressionskassetten

Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
pUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/PstI/XbaI/StuI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PleBT (pUC19-mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII
PUD12 (pUC 19 mit mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII

- 15 \* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des

- a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des
- 5 c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.

Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressionskassetten wie z.B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.

- 10 Weitere in Pflanzen nutzbare Vektoren mit einer bzw. zwei oder drei Promotor-Terminator-Expressionkassetten sind den Sequenzen SEQ ID NO: 26 bis SEQ ID NO: 31 zu entnehmen.

- ii.) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten.

- 15 In pUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die  $\Delta$ -6-Elongase Pp\_PSE1 in die erste Kassette inseriert. Dann wird die  $\Delta$ -6-Desaturase aus Moos (Pp\_des6) über BamHI/NaeI in die zweite Kassette inseriert und schließlich die  $\Delta$ -5-Desaturase aus Phaeodactylum (Pt\_des5) über BglII/NcoI in die dritte Kassette inseriert (siehe SEQ ID NO: 19). Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1. Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.
- 20

Tabelle 3: Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

Gen Plasmid	$\Delta$ -6-Desaturase	$\Delta$ -5-Desaturase	$\Delta$ -6-Elongase
pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
PARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

des5 = PUFA spezifische  $\Delta$ -5-Desaturase

des6 = PUFA spezifische  $\Delta$ -6-Desaturase

5 PSE = PUFA spezifische  $\Delta$ -6-Elongase

Pt\_des5 =  $\Delta$ -5-Desaturase aus *Phaeodactylum tricornutum*

Pp\_des6 oder Pt\_des6 =  $\Delta$ -6-Desaturase aus *Physcomitrella patens* bzw. *Phaeodactylum tricornutum*

Pp = *Physcomitrella patens*, Pt = *Phaeodactylum tricornutum*

Pp\_PSE1 =  $\Delta$ -6-Elongase aus *Physcomitrella patens*

Pt\_PSE1 =  $\Delta$ -6-Elongase aus *Phaeodactylum tricornutum*

Ce\_des5 =  $\Delta$ -5-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF078796)

Ce\_des6 =  $\Delta$ -6-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF031477, Basen 11-1342)

15 Ce\_PSE1 =  $\Delta$ -6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF244356, Basen 1-867)

Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie z.B. Genbank Acc. Nr. AF231981, NM\_013402, AF206662, AF268031, AF226273, AF110510 oder AF110509.

20 iii.) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur Transformation von *Agrobacterium tumefaciens* und zur Transformation von Pflanzen

Die so erstellten Konstrukte wurden mittels *AscI* in den binären Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wurde zu diesem Zweck um eine *AscI* Schnittstelle erweitert. Zu diesem Zweck wurde der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleotide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche *AscI* DNA Sequenz eingefügt wird. Das Oligonukleotid wurde mittels *EcoRI* und *HindIII* in den Vektor pGPTV inseriert. Die notwendigen Kloniertechniken sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1 beschrieben nachgelesen werden.

30 Für die im folgenden beschriebenen Versuche wurden als Nukleinsäuresequenzen für die  $\Delta$ -5-Desaturase (SEQ ID NO: 13), die  $\Delta$ -6-Desaturase (SEQ ID NO: 9) und die  $\Delta$ -6-Elongase (SEQ ID NO: 11), die Sequenzen aus *Physcomitrella patens* und *Phaeodactylum tricornutum* verwendet. Die entsprechenden Aminosäuresequenzen sind den Sequenzen SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12 und SEQ ID NO: 14. Ein Vektor der alle vorgenannten Gene enthält ist in SEQ ID NO: 19 wiedergegeben. Die korrespondierenden

Aminosäuresequenzen der Gene sind SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21 und SEQ ID NO: 22 zu entnehmen.

#### Beispiel 2: Klonierung und Charakterisierung der ceLPLATs

##### a) Datenbanken-Suche

- 5 Die Identifizierung der ceLPLATs (= Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase aus *Caenorhabditis elegans*) erfolgte durch Sequenzvergleiche mit bekannten LPA-ATs. Die Suche wurde mit Hilfe des BLAST-Psi-Algorithmus (Altschul et al., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403-410) auf das Nematodengenom (*Caenorhabditis elegans*) beschränkt, da dieser Organismus LCPUFAs synthetisiert. Für den Sequenzvergleich diente als
- 10 Sonde eine LPAAT Proteinsequenz aus *Mus musculus* (MsLPAAT Accession Nr. NP\_061350). LPLAT katalysiert durch eine reversible Transferasereaktion die ATP-unabhängige Synthese von Acyl-CoAs aus Phospholipiden mit Hilfe von CoA als Co-factor (Yamashita et al., J. Biol. Chem. 2001, 276: 26745-26752). Durch Sequenzvergleiche konnten zwei putative ceLPLAT-Sequenzen identifiziert werden (Accession Nr.
- 15 T06E8.1 bzw. F59F4.4). Die identifizierten Sequenzen weisen die größte Ähnlichkeit jeweils zueinander und zu MsLPAATs auf (Figur 1). Das Alignment wurde mit dem Programm Clustal erstellt.

##### b) Klonierung der CeLPLATs

- 20 Auf der Basis der ceLPLAT-Nukleinsäuresequenzen wurden Primerpaare synthetisiert (Tab. 1) und mittels PCR-Verfahren die zugehörigen cDNAs aus einer *C. elegans*-cDNA-Bank isoliert. Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon trugen. Die Amplifizierung der LPLAT-cDNAs wurde je-
- 25 weils mit 2 µl cDNA-Bank-Lösung als Template, 200 µM dNTPs, 2,5 U "proof-reading" *pfu*-Polymerase und 50 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 µl durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 58°C für eine Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten. Die Sequenz der LPLAT-cDNAs wurde durch DNA-Sequenzierung bestätigt.

Tabelle 4: Nukleotidsequenzen der PCR-Primer zur Klonierung von CeLPLATs

Primer	Nukleotidsequenz
5' T06E8.1f*	5' ACATAATGGAGAACTTCTGGTCGATCGTC 3'
3' T06E8.1r*	5' TTACTCAGATTTCTTCCCGTCTTT 3'
5' F59F4.4f*	5' ACATAATGACCTTCCTAGCCATATTA 3'
3' F59F4.4r*	5' TCAGATATTCAAATTGGCGGCTTC 3'

\* f: forward, r: reverse

Beispiel 3: Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine auf die Produktion des gewünschten Produktes

#### 5 a) Aufarbeitungsmöglichkeiten

Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pilzen, Algen, Ciliaten oder wie in den Beispielen weiter oben beschrieben in Hefen auf die Produktion der mehrfach ungesättigten Fettsäuren oder Pflanzen kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion der Lipide oder Fettsäuren untersucht wird. Diese Analysetechniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie, Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

Neben den oben erwähnten Verfahren zum Nachweis von Fettsäuren in Hefen werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22):12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-

- 145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., *Advances in Lipid Methodology*, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., *Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide* - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

- So kann die Analyse von Fettsäuren oder Triacylglycerin (= TAG, Abkürzungen in Klammern angegeben) z.B. mittels Fettsäuremethylester (= FAME), Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie (= GC-MS) oder Dünnschichtchromatographie (TLC) erfolgen.

- Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: *Advances on Lipid Methodology*, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, *Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren*, Lipide 33:343-353).

- Das zu analysierende Pflanzenmaterial kann dazu entweder durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material wird dann anschließend nach dem Aufbrechen zentrifugiert. Das Sediment wird danach in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben. Diese Fettsäuremethylester können anschließend in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen werden. Die Identität der erhaltenen Fettsäuremethylester lassen sich unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definieren.

- Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, kann die Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise wird die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt.

#### b) Fettsäureanalyse in Pflanzen

Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

Die Samen wurden mit 1 % Natriummethanolat in Methanol aufgenommen und 20 min bei RT (ca. 22 °C) inkubiert. Anschließend wurde mit NaCl Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen.

- 5 Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 mikro m; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA) identifiziert.

Beispiel 4: Funktionelle Charakterisierung der CeLPLATs in Hefe

a) Heterologe Expression in *Saccharomyces cerevisiae*

- 15 Zur Charakterisierung der Funktion der CeLPLATs aus *C. elegans* wurden die offenen Leserahmen der jeweiligen cDNAs stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYes2.1Topo unter Verwendung des pYes2.1TOPO TA Expression Kit (Invitrogen) kloniert, wobei pYes2-T06E8.1 und pYes2-F59F4.4 erhalten wurden.

- 20 Da die Expression der CeLPLATs zu einem effizienten Austausch der Acyl-Substrate führen sollte, wurde weiterhin das Doppelkonstrukt pESCLEu-PpD6-Pse1 hergestellt, das die offenen Leserahmen einer Δ6-Desaturase (PpD6) und einer Δ6-Elongase (PSE1) aus *Physcomitrella patens* (siehe DE 102 19 203) beinhaltet. Die Nukleinsäuresequenz der Δ6-Desaturase (PpD6) und der Δ6-Elongase (Pse1) werden jeweils in SEQ ID NO: 9 und SEQ ID NO: 11 wiedergegeben. Die korrespondierenden Aminosäuresequenzen sind SEQ ID NO: 10 und SEQ ID NO: 12 zu entnehmen.

- 25 Die *Saccharomyces cerevisiae*-Stämme C13ABYS86 (Protease-defizient) und INVSc1 wurde mittels eines modifizierten PEG/Lithiumacetat-Protokolls gleichzeitig mit den Vektoren pYes2-T06E8.1 und pESCLEu-PpD6-Pse1 bzw. pYes2-F59F4.4 und pESCLEu-PpD6-Pse1 transformiert. Als Kontrolle wurde eine Hefe verwendet, die mit dem Vektor pESCLEu-PpD6-Pse1 und dem leeren Vektor pYes2 transformiert wurde. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplett-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Uracil und Leucin. Nach der Selektion wurden 30 4 Transformanten, zwei pYes2-T06E8.1/pESCLEu-PpD6-Pse1 und zwei pYes2-F59F4.4/pESCLEu-PpD6-Pse1 und eine pESCLEu-PpD6-Pse1/ pYes2 zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt. Die beschriebenen Experimente wurden auch im Hefestamm INVSc1 durchgeführt.

Für die Expression der CeLPAATs wurden zunächst Vorkulturen aus jeweils 2 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose, aber ohne Uracil und Leucin mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C, 200rpm inkubiert. 5 ml CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil und Leucin) mit 2% Raffinose, 1% (v/v) Tergitol



NP-40 und 250  $\mu$ M Linolsäure ( $18:2^{\Delta 9,12}$ ) oder Linolensäure ( $18:3^{\Delta 9,12,15}$ ) wurden dann mit den Vorkulturen auf eine  $OD_{600}$  von 0,08 angeimpft. Die Expression wurde bei einer  $OD_{600}$  von 0,2-0,4 durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 48 h bei 20°C inkubiert.

## 5 Fettsäureanalyse

Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 10 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM  $\text{NaHCO}_3$ , pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM  $\text{NaHCO}_3$ , pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit  $\text{Na}_2\text{SO}_4$  getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100  $\mu$ l PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25  $\mu$ m, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C (halten) programmiert. Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma).

## Acyl-CoA Analyse

Die Acyl-CoA-Analyse erfolgte wie bei Larson and Graham (2001; Plant Journal 25: 115-125) beschrieben.

## 25 Expressionsanalyse

Figuren 2 A und B sowie 3 A und B zeigen die Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 Hefen, die mit  $18:2^{\Delta 9,12}$  bzw.  $18:3^{\Delta 9,12,15}$  gefüttert wurden. Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Alle vier transgenen Hefen zeigen eine Synthese von  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $20:3^{\Delta 8,11,14}$  bzw.  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$  und  $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ , den Produkten der  $\Delta$ -6- Desaturase und  $\Delta$ -6-Elongase Reaktionen. Dies bedeutet, dass die Gene PpD6 und Pse1 funktional exprimiert werden konnten.

Figur 2 gibt wie oben beschrieben die Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von  $18:2^{\Delta 9,12}$  kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

In den Kontroll-Hefen, die mit den Vektoren pESCLEu-PpD6-Pse1/pYes2 transformiert wurden, ist der Anteil von  $20:3^{\Delta 8,11,14}$ , zu dem  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  durch Pse1 elongiert wird, wesentlich niedriger als in den Hefen, die zusätzlich die LPLAT T06E8.1 exprimieren. Tatsächlich konnte die Elongation von  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$  durch die zusätzliche Expression von CeLPLAT (T06E8.1) um 100-150% verbessert werden (Figur 4). Diese signifikante Erhöhung des LCPUFA-Gehalts ist nur wie folgt zu erklären: die exogen gefütterten Fettsäuren ( $18:2^{\Delta 9,12}$  bzw.  $18:3^{\Delta 9,12,15}$ ) werden zunächst in Phospholipide eingebaut und dort von der  $\Delta$ -6-Desaturase zu  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$  desaturiert. Erst nach Reäquilibration mit dem Acyl-CoA-Pool können  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$  durch die Elongase zu  $20:3^{\Delta 8,11,14}$  bzw.  $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ -CoA elongiert und dann wieder in die Lipide eingebaut werden. Die LPLAT T06E8.1 ist in der Lage, die  $\Delta$ 6-desaturierten Acylgruppen sehr effizient in CoA-Thioester zurückzuverwandeln. Interessanterweise konnte auch die Elongation der gefütterten Fettsäuren  $18:2^{\Delta 9,12}$  und  $18:3^{\Delta 9,12,15}$  verbessert werden. (Figur 2 A und B bzw. 3 A und B).

Figur 3 gibt die Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLEu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLEu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von  $18:3^{\Delta 9,12,15}$  kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

Die Expression einer anderen CeLPLAT (F59F4.4) hat dagegen keinen Einfluss auf die Elongation (Figur 4). Offenbar kodiert F59F4.4 nicht für eine LPLAT. Nicht jede der putativen LPLAT Nukleinsäuresequenzen ist also enzymatisch aktiv in der erfindungsgemäß gefundenen Reaktion.

Figur 4 gibt die Elongation exogen applizierter  $18:2^{\Delta 9,12}$  bzw.  $18:3^{\Delta 9,12,15}$  im Anschluss an ihre endogene  $\Delta$ -6-Desaturierung (Daten aus Fig. 2 und 3) wieder. Die exogen gefütterten Fettsäuren werden zunächst in Phospholipide eingebaut und dort zu  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$  desaturiert. Erst nach Reäquilibration mit dem Acyl-CoA-Pool können  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$  durch die Elongase zu  $20:3^{\Delta 8,11,14}$  bzw.  $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ -CoA elongiert und dann wieder in die Lipide eingebaut werden. Die LPLAT T06E8.1 ist in der Lage, die  $\Delta$ -6-desaturierten Acylgruppen effizient in CoA-Thioester zurückzuverwandeln.

Diese Ergebnisse zeigen, dass die CeLPLAT (T06E8.1) nach Co-expression mit der  $\Delta$ -6-Desaturase und  $\Delta$ -6-Elongase zu einer effizienten Produktion von C20-PUFAs führt. Diese Ergebnisse sind dadurch zu erklären, dass die CeLPLAT (T06E8.1) einen effizienten Austausch der neusynthetisierten Fettsäuren zwischen Lipiden und dem Acyl-CoA-Pool ermöglicht (siehe Figur 7).

Figur 7 gibt die Acyl-CoA-Zusammensetzung transgener INVSc1 Hefen, die mit den Vektoren pESCLEu PpD6Pse1/pYes2 (A) oder pESCLEu-PpD6-Pse1/pYes2-T06E8.1 (B) transformiert worden waren, wieder. Die Hefezellen wurden in Minimalmedium oh-

ne Uracil und Leucin in Gegenwart von 250  $\mu$ M 18:2 <sup>$\Delta$ 9,12</sup> kultiviert. Die Acyl-CoA-Derivate wurden über HPLC analysiert.

- Bei Verwendung des Hefe-Stammes INVSc1 zur Co-Expression von CeLPLAT (T06E8.1) zusammen mit PpD6 und Pse1 ergibt sich folgendes Bild: Kontrollhefen, die PpD6 und Pse1 exprimieren, enthalten wie schon bei Verwendung des Stammes C13ABYS86 gezeigt nur geringe Mengen des Elongationsprodukts (20:3 <sup>$\Delta$ 8,11,14</sup> bei Fütterung von 18:2 bzw. 20:4 <sup>$\Delta$ 8,11,14,17</sup> bei Fütterung von 18:3; siehe Figur 5 A und 6 A). Bei zusätzlicher Expression von CeLPLAT (T06E8.1) erfolgt ein deutlicher Anstieg dieser Elongationsprodukte (siehe Figur 5 B und 6 B). Tabelle 6 zeigt, dass die zusätzliche Expression von CeLPLAT überraschenderweise eine 8-fache Erhöhung des Gehaltes an 20:3 <sup>$\Delta$ 8,11,14</sup> (bei Fütterung von 18:2) bzw. 20:4 <sup>$\Delta$ 8,11,14,17</sup> (bei Fütterung von 18:3) bewirkt. Daneben zeigt sich, dass auch C16:2 <sup>$\Delta$ 6,9</sup> zu C18:2 <sup>$\Delta$ 6,9</sup> effizienter elongiert wird.

5 Tabelle 5: Fettsäure-Zusammensetzung (in mol %) transgener Hefen, die mit den Vektoren pESCLeu PpD6Pse1/pYes2 (PpD6 Pse1) oder pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2-T06E8.1 (PpD6 Pse1 + T06E8) transformiert worden waren. Die Hefezellen wurden in Minimalmedium ohne Uracil und Leucin in Gegenwart von 250  $\mu$ M 18:2  $\Delta^{9,12}$  oder 18:3  $\Delta^{9,12,15}$  kultiviert. Die Fettsäuremethylester wurden durch saure Methanolyse ganzer Zellen gewonnen und über GLC analysiert. Jeder Wert gibt den Mittelwert ( $n = 4$ )  $\pm$  Standardabweichung wieder.

Fettsäuren	Fütterung mit 250 $\mu$ M		Fütterung mit 250 $\mu$ M	
	18:2 $\Delta^{9,12}$		18:3 $\Delta^{9,12,15}$	
	Pp $\Delta$ 6/Pse1	Pp $\Delta$ 6/Pse1+ T06E8	Pp $\Delta$ 6/Pse1	Pp $\Delta$ 6/Pse1+ T06E8
16:0	15,31 $\pm$ 1,36	15,60 $\pm$ 1,36	12,20 $\pm$ 0,62	16,25 $\pm$ 1,85
16:1 $\Delta^9$	23,22 $\pm$ 2,16	15,80 $\pm$ 3,92	17,61 $\pm$ 1,05	14,58 $\pm$ 1,93
18:0	5,11 $\pm$ 0,63	7,98 $\pm$ 1,28	5,94 $\pm$ 0,71	7,52 $\pm$ 0,89
18:1 $\Delta^9$	15,09 $\pm$ 0,59	16,01 $\pm$ 2,53	15,62 $\pm$ 0,34	15,14 $\pm$ 2,61
18:1 $\Delta^{11}$	4,64 $\pm$ 1,09	11,80 $\pm$ 1,12	4,56 $\pm$ 0,18	13,07 $\pm$ 1,66
18:2 $\Delta^{9,12}$	28,72 $\pm$ 3,25	14,44 $\pm$ 1,61	-	-
18:3 $\Delta^{6,9,12}$	3,77 $\pm$ 0,41	4,72 $\pm$ 0,72	-	-
18:3 $\Delta^{9,12,15}$	-	-	32,86 $\pm$ 1,20	14,14 $\pm$ 2,52
18:4 $\Delta^{6,9,12,15}$	-	-	5,16 $\pm$ 1,04	3,31 $\pm$ 1,15
20:2 $\Delta^{11,14}$	2,12 $\pm$ 0,86	4,95 $\pm$ 4,71	-	-
20:3 $\Delta^{8,11,14}$	1,03 $\pm$ 0,14	8,23 $\pm$ 1,59	-	-
20:3 $\Delta^{11,14,17}$	-	-	4,12 $\pm$ 1,54	6,95 $\pm$ 2,52
20:4 $\Delta^{8,11,14,17}$	-	-	1,34 $\pm$ 0,28	8,70 $\pm$ 1,11

10 Figur 5 ist das Fettsäure-Profil von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen zu entnehmen. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wur-

den in Minimalmedium in Gegenwart von  $18:2^{\Delta 9,12}$  kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

Figur 6 gibt die Fettsäure-Profile von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen wieder. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die entweder mit den Vektoren pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2 (A) oder pYes2-T06E8.1/pESCLeu-PpD6-Pse1 (B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von  $18:3^{\Delta 4,12,15}$  kultiviert. Anschließend wurden die Fettsäuremethylester über GLC analysiert.

Ein Maß für die Effizienz der LCPUFA-Biosynthese in transgener Hefe stellt der Quotient aus Gehalt der erwünschten  $\Delta$ -6-Elongationsprodukt nach  $\Delta$ -6-Desaturierung ( $20:3^{\Delta 8,11,14}$  bzw.  $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ ) zu Gehalt an zugeführter Fettsäure ( $18:2^{\Delta 9,12}$  bzw.  $18:3^{\Delta 9,12,15}$ ) dar. Dieser Quotient beträgt 0,04 in INVSc1 Kontrollhefen, die PpD6 und Pse1 exprimieren, und 0,60 in Hefen die zusätzlich zu PpD6 und Pse1 CeLPLAT exprimieren. In anderen Worten: der Gehalt an erwünschtem  $\Delta$ -6-Elongationsprodukt nach  $\Delta$ -6-Desaturierung bei Co-Expression von CeLPLAT beträgt 60% des Gehalts der jeweils zugeführten Fettsäure. In Kontrollhefen beträgt dieser Gehalt nur ca. 4%. Dies bedeutet eine 15-fache Erhöhung der Effizienz der LCPUFA-Biosynthese in transgener Hefe durch Co-Expression von LPLAT.

Interessanterweise bewirkt die Co-Expression von CeLPLAT nicht nur eine Erhöhung der genannten Elongationsprodukte  $20:3^{\Delta 8,11,14}$  bzw.  $20:4^{\Delta 8,11,14,17}$ , sondern auch eine Erhöhung des Verhältnisses  $20:3^{\Delta 8,11,14} : 20:2^{\Delta 11,14}$  bzw.  $20:4^{\Delta 8,11,14,17} : 20:3^{\Delta 11,14,17}$ . Dies bedeutet, dass in Anwesenheit der LPLAT die  $\Delta$ -6-Elongase bevorzugt mehrfach ungesättigte Fettsäuren ( $18:3^{\Delta 6,9,12}$  und  $18:4^{\Delta 6,9,12,15}$ ) als Substrat verwendet, während bei Abwesenheit der LPLAT keine ausgeprägte Substratspezifität zu erkennen ist (auch  $18:2^{\Delta 9,12}$  und  $18:3^{\Delta 9,12,15}$  werden elongiert). Grund hierfür können Protein-Protein-Wechselwirkungen zwischen  $\Delta$ -6-Elongase,  $\Delta$ -6-Desaturase und LPLAT oder posttranslationale Modifikationen (z.B. partielle Proteolyse) sein. Dies würde auch erklären, warum der oben beschriebene Anstieg von  $\Delta$ -6-Elongationsprodukten bei Co-Expression von  $\Delta$ -6-Desaturase,  $\Delta$ -6-Elongase und LPLAT bei Verwendung eines protease-defizienten Hefestamms geringer ausfällt.

Acyl-CoA Analysen von transgenen INVSc1 Hefen, die mit  $18:2^{\Delta 9,12}$  gefüttert wurden, ergaben folgendes Ergebnis: in Kontrollhefen, die PpD6 und Pse1 exprimieren, ist kein  $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA und  $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA nachweisbar. Dies weist darauf hin, dass weder das Substrat ( $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA) noch das Produkt ( $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA) der  $\Delta$ -6-Elongase in Kontrollhefen in nachweisbaren Mengen vorhanden ist. Dies lässt darauf schließen, dass der Transfer von  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  aus Membranlipiden in den Acyl-CoA Pool nicht oder nicht richtig stattfindet. Das bedeutet, dass kaum Substrat für die vorhandene  $\Delta$ -6-Elongase zur Verfügung steht, was wiederum den geringen Gehalt an Elongationsprodukt in Kontrollhefen erklärt. INVSc1 Hefen, die zusätzlich zur PpD6 und Pse1 die CeLPLAT exprimieren und mit  $18:2^{\Delta 9,12}$  gefüttert worden waren, weisen keine signifikanten Mengen an  $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA auf, wohl aber  $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA. Dies deutet darauf

hin, dass LPLAT sehr effizient  $18:3^{\Delta 6,9,12}$  aus den Membranlipiden in den Acyl-CoA-Pool überführt.  $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA wird dann von der  $\Delta$ -6-Elongase elongiert, so dass kein  $18:3^{\Delta 6,9,12}$ -CoA, wohl aber  $20:3^{\Delta 8,11,14}$ -CoA nachweisbar ist.

b) Funktionelle Charakterisierung der CeLPLATs in transgenen Pflanzen

#### 5 Expression funktionaler CeLPLAT in transgenen Pflanzen

In DE 102 19 203 wurden transgene Pflanzen beschrieben, deren Samenöl durch samenspezifische Expression funktioneller Gene kodierend für  $\Delta$ -6-Desaturase,  $\Delta$ -6-Elongase und  $\Delta$ -5-Desaturase geringe Mengen an ARA und EPA enthält. Der zur Transformation dieser Pflanzen benutzte Vektor ist SEQ ID NO: 19 zu entnehmen. Um den Gehalt an diesen LCPUFAs zu erhöhen, wurde in den genannten transgenen Pflanzen zusätzlich das Gen CeLPLAT (T06E8.1) in Samen exprimiert.

Zu diesem Zweck wurde der kodierende Bereich von CeLPLAT über PCR amplifiziert.

In Tabelle 6 sind die Primer wiedergegeben, die zur Klonierung eines weiteren Clones der ceLPLAT in binäre Vektoren verwendet wurden.

15 Tabelle 6: Nukleotidsequenzen der PCR-Primer zur Klonierung von CeLPLAT (T06E8.1) in den binären Vektor pSUN3

Primer	Nukleotidsequenz
ARe503f*	5' TTAAGCGCGGCCGCATGGAGAACTTCTGGTCTG 3'
ARe504r*	5' ACCTCGGCGGCCGCCCTTTTACTCAGATTTC 3'

\* f: forward, r: reverse

20 Das PCR-Produkt wurde in einen pENTRY Vektor zwischen USP Promotor und OCS-Terminator kloniert. Anschließend wurde die Expressionskassette in die binären Vektoren pSUN300 kloniert. Der entstandene Vektor wurde mit pSUN3CeLPLAT (Figur 8) bezeichnet. Darüber hinaus wurde der kodierende Bereiche von CeLPLAT amplifiziert und zwischen LegB4 Promotor und OCS-Terminator kloniert. Dieser Vektor wurde mit pGPTVCeLPLAT bezeichnet (Figur 9A).

25 Darüberhinaus wurde der kodierende Bereich von CeLPLAT über PCR amplifiziert und zwischen LegB4 Promotor und OCS-Terminator kloniert. Die hierfür verwendeten PCR Primer wurden so ausgewählt, dass in das PCR-Produkt eine effiziente Kosaksequenz eingeführt wurde. Außerdem wurde die DNA-Sequenz von CeLPLAT so verändert, dass sie der codon usage von höheren Pflanzen angepasst war.

## 62

Folgende Primer wurden für die PCR verwendet:

Forward primer: 5'-ACATAATGGAGAACTTCTGGTCTATTGTTGTGTTTTTCTA-3'

Reverse primer: 5'-CTAGCTAGCTTACTCAGATTTCTTCCCGTCTTTTGTTTCTC-3'

Das PCR Produkt wurde in den Klonierungsvektor pCR Script kloniert und über die Restriktionsenzyme XmaI und SacI in den Vektor pGPTV LegB4-700 kloniert. Das entstandene Plasmid wurde mit pGPTV LegB4-700 + T06E8.1 bezeichnet (Figur 9A).

Das gleiche PCR Produkt wurde darüber hinaus in einen Multigen-Expressionsvektor kloniert, der bereits die Gene für eine Delta-6-Desaturase aus *Phaeodactylum tricornutum* (SEQ ID NO: 32, Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 33) und einer Delta-6-Elongase aus *P. patens* enthielt. Das entstandene Plasmid wurde mit pGPTV USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp)+D6-Des(Pt)+2AT (T06E8-1) bezeichnet (Figur 9B). Die Sequenzen des Vektors sowie der Gene sind SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36 und SEQ ID NO: 37 zu entnehmen. Die  $\Delta$ -6-Desaturase aus *Phaeodactylum tricornutum* reicht von Nukleotid 4554 bis 5987 in der SEQ ID NO: 34. Die  $\Delta$ -6-Elongase aus *Physcomitrella patens* reicht von Nukleotid 1026 bis 1898 und die der LPLAT aus *Caenorhabditis elegans* reicht von Nukleotid 2805 bis 3653 in der SEQ ID NO: 34.

Tabakpflanzen wurden co-transformiert mit dem Vektor pSUN3CeLPLAT und dem in DE 102 19 203 und SEQ ID NO: 19 beschriebenen Vektor enthaltend Gene kodierend für  $\Delta$ -6-Desaturase,  $\Delta$ -6-Elongase und  $\Delta$ -5-Desaturase, wobei die Selektion transgener Pflanzen mit Kanamycin erfolgte.

Tabakpflanzen wurden außerdem transformiert mit dem Vektor pGPTV USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp)+D6-Des(Pt)+2AT (T06E8-1) [siehe SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36 und SEQ ID NO: 37].

Lein wurde mit dem Vektor pSUN3CeLPLAT transformiert. Die entstandenen transgenen Pflanzen wurden mit solchen transgenen Leinpflanzen gekreuzt, die bereits geringe Mengen an ARA und EPA aufgrund der funktionellen Genexpression von  $\Delta$ -6-Desaturase,  $\Delta$ -6-Elongase und  $\Delta$ -5-Desaturase enthielten.

Weiterhin wurde Lein mit dem Vektor pGPTV LegB4-700 + T06E8.1 transformiert. Die entstandenen transgenen Pflanzen wurden mit solchen transgenen Leinpflanzen gekreuzt, die bereits geringe Mengen an ARA und EPA aufgrund der funktionellen Expression von  $\Delta$ -6-Desaturase,  $\Delta$ -6-Elongase und  $\Delta$ -5-Desaturase enthielten.

Die Samen von transgenen Tabak- und Leinpflanzen wurden wie weiter vorne beschrieben [Beispiel 3 b)] auf erhöhte Gehalte an LCPUFAs in untersucht.

Aus den hier vorliegenden Arbeiten lässt sich die Funktion der Acyl-CoA:Lyso-phospholipid-Acyltransferase (LPLAT) wie in Figur 10 dargestellt ableiten. Der Biosynthese-Weg der LCPUFAS stellt sich damit wie folgt dar.

Desaturasen katalysieren die Einführung von Doppelbindungen in lipidgekoppelte Fettsäuren (*sn*2-Acyl-Phosphatidylcholin), während die Elongasen exklusiv die Elongation Coenzym A-veresterter Fettsäuren (Acyl-CoAs) katalysieren. Nach diesem Mechanismus erfordert die alternierende Wirkung von Desaturasen und Elongasen einen ständigen Austausch von Acyl-Substraten zwischen Phospholipiden und Acyl-CoA-Pool und somit die Existenz einer zusätzlichen Aktivität, die die Acyl-Substrate in die jeweils notwendige Substratform, d.h. Lipide (für Desaturasen) oder CoA-Thioester (für Elongasen), überführt. Dieser Austausch zwischen Acyl-CoA Pool und Phospholipiden wird durch LCPUFA-spezifische LPLAT ermöglicht. Die Biosynthese von ARA (A) erfolgt analog zu EPA (B), mit dem Unterschied, dass bei EPA der  $\Delta$ -6-Desaturierung eine  $\Delta$ -15-Desaturierung vorgeschaltet ist, so dass  $\alpha$ 18:3-PC als Substrat für die  $\Delta$ -6-Desaturase fungiert. Die Biosynthese von DHA macht einen weiteren Austausch zwischen Phospholipiden und Acyl-CoA-Pool über LPLAT notwendig: 20:5 <sup>$\Delta$ 5,8,11,14,17</sup> wird vom Phospholipid- zum CoA-Pool transferiert und nach erfolgter  $\Delta$ -5-Elongation wird 22:5<sup>7,10,13,16,19</sup> vom CoA- zum Phospholipid-Pool transferiert und schließlich durch  $\Delta$ -4-Desaturase zu DHA umgesetzt. Gleiches gilt für den Austausch im Biosyntheseweg unter Verwendung der  $\Delta$ -8-Desaturase, der  $\Delta$ -9-Elongase und der  $\Delta$ -5-Desaturase.

#### Äquivalente

Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.



## Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren

### Zusammenfassung

- Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus indem Nukleinsäuren in den Organismus eingebracht werden, die für Polypeptide mit Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferaseaktivität codieren. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide der Biosynthese des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren, in dem transgenen Organismus exprimiert werden.
- 10 Die Erfindung betrifft weiterhin die Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte enthaltend die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Vektoren enthaltend die Nukleinsäuresequenzen und/oder die Nukleinsäurekonstrukte sowie transgene Organismen enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren.
- 15 Ein weiterer Teil der Erfindung betrifft Öle, Lipide und/oder Fettsäuren hergestellt nach dem erfindungsgemäßen Verfahren und deren Verwendung.

## SEQUENCE LISTING

<110> BASF Plant Science GmbH

5 <120> Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren

<130> 20030015

10 <160> 37

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 849

15 <212> DNA

<213> Caenorhabditis elegans

<220>

<221> CDS

20 <222> (1)..(849)

<223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase

<400> 1

25 atg gag aac ttc tgg tgc atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc 48  
Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
1 5 10 15

30 ttc att tta tat aac ata tgc aca gta tgc cac tac tat atg cgg att 96  
Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile  
20 25 30

35 tgc ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt 144  
Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
35 40 45

40 aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt 192  
Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
50 55 60

45 cac tgc ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc 240  
His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
65 70 75 80

50 tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gct gta gtt att tgt 288  
Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
85 90 95

55 aat cat cag agt tct ctc gac att cta tgc atg gca tca atc tgg ccg 336  
Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
100 105 110

60 aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc 384  
Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
115 120 125

65 ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat 432  
Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
130 135 140

70 aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg 480  
Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met

## 2

	145		150		155		160	
5	aag aac aga aat ctt Lys Asn Arg Asn Leu	aaa ctt tgg gta ttt ccg gaa gga aca aga aat Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn	528					
	165	170	175					
10	cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala	576						
	180	185	190					
	ggt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg	624						
	195	200	205					
15	gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val	672						
	210	215	220					
20	ggt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp	720						
	225	230	235					
25	gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt cgg gac gtt atg ttg gca gcc Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala	768						
	245	250	255					
30	tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aca cgg cgt Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg	816						
	260	265	270					
	gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu	849						
	275	280						
35	<210> 2 <211> 282 <212> PRT <213> Caenorhabditis elegans							
40	<400> 2							
45	Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu 1 5 10 15							
	Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile 20 25 30							
50	Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val 35 40 45							
55	Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe 50 55 60							
60	His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val 65 70 75 80							

## 3

Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
85 90 95

5 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
100 105 110

10 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
115 120 125

15 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
130 135 140

Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
145 150 155 160

20 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn  
165 170 175

25 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
180 185 190

30 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
195 200 205

35 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
210 215 220

40 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
225 230 235 240

45 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
245 250 255

50 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg  
260 265 270

Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu  
275 280

<210> 3

<211> 849

55 <212> DNA

<213> Caenorhabditis elegans

<220>

<221> CDS

60 <222> (1)..(849)

<223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase

<400> 3  
 atg gag aac ttc tgg tgc atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc 48  
 Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
 1 5 10 15

ttc att tta tat aac ata tgc aca gta tgc cac tac tat atg cgg att 96  
 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile  
 20 25 30

tcg ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt 144  
 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
 35 40 45

aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt 192  
 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
 50 55 60

cac tgc ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc 240  
 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
 65 70 75 80

tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gct gta gtt att tgt 288  
 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
 85 90 95

aat cat cag agt tct ctc gac att cta tgc atg gca tca atc tgg ccg 336  
 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
 100 105 110

aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc 384  
 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
 115 120 125

ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat 432  
 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
 130 135 140

aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg 480  
 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
 145 150 155 160

aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta tct ccg gaa gga aca aga aat 528  
 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Ser Pro Glu Gly Thr Arg Asn  
 165 170 175

cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca 576  
 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
 180 185 190

gtt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg 624  
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
 195 200 205

gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt 672  
 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
 210 215 220

gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat 720  
 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
 225 230 235 240

5

gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt cgg gac gtt atg ttg gca gcc 768  
Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
245 250 255

5    tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aka cgq cgt  
Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg         816

                260                              265    270

10    gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa  
Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu                      849

275                      280

```

15  <210> 4
    <211> 282
    <212> PRT
    <213> Caenorhabditis elegans

```

<400> 4

Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
1 5 10 15

25 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile  
20 25 30

30 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
35 40 45

35 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
50 55 60

His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
65 70 75 80

40 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
85 90 95

45 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
100 105 110

50 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
115 120 125

55 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
130 135 140

Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
145 150 155 160

60  
Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Ser Pro Glu Gly Thr Arg Asn  
165 170 175

5 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
 180 185 190  
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
 195 200 205  
 10 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
 210 215 220  
 15 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
 225 230 235 240  
 20 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
 245 250 255  
 25 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg  
 260 265 270  
 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu  
 275 280  
 30 <210> 5  
 <211> 849  
 <212> DNA  
 <213> Caenorhabditis elegans  
 35 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(849)  
 <223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase  
 40  
 <400> 5  
 atg gag aac ttc tgg tgc atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc 48  
 Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
 1 5 10 15  
 ttc att tta tat aac ata tgc aca gta tgc cac tac tat gtg cgg att 96  
 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Val Arg Ile  
 20 25 30  
 50 tgc ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt 144  
 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
 35 40 45  
 55 aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt 192  
 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
 50 55 60  
 60 cac tgc ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc 240  
 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
 65 70 75 80

7

	tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gct gta gtt att tgt	288
	Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys	
	85 90 95	
5	aat cat cag agt tct ctc gac att cta tcg atg gca tca atc tgg ccg	336
	Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro	
	100 105 110	
10	aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc	384
	Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe	
	115 120 125	
15	ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat	432
	Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr	
	130 135 140	
20	aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg	480
	Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met	
	145 150 155 160	
25	aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta ttt ccg gaa gga aca aga aat	528
	Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn	
	165 170 175	
30	cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca	576
	Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala	
	180 185 190	
35	gtt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg	624
	Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg	
	195 200 205	
40	gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt	672
	Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val	
	210 215 220	
45	gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat	720
	Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp	
	225 230 235 240	
50	gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt ccg gac gtt atg ttg gca gcc	768
	Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala	
	245 250 255	
55	tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aca cgg cgt	816
	Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg	
	260 265 270	
60	gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa	849
	Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu	
	275 280	
55	<210> 6	
	<211> 282	
	<212> PRT	
	<213> Caenorhabditis elegans	
60	<400> 6	
	Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu	
	1 5 10 15	



5 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Val Arg Ile  
 20 25 30  
 10 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
 35 40 45  
 15 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
 50 55 60  
 20 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
 65 70 75 80  
 25 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
 85 90 95  
 30 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
 100 105 110  
 35 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
 115 120 125  
 40 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
 130 135 140  
 45 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
 145 150 155 160  
 50 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn  
 165 170 175  
 55 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
 180 185 190  
 60 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
 195 200 205  
 65 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
 210 215 220  
 70 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
 225 230 235 240  
 75 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
 245 250 255

## 9

Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg  
 260 265 270

5 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu  
 275 280

10 <210> 7  
 <211> 849  
 <212> DNA  
 <213> Caenorhabditis elegans

15 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(849)  
 <223> Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase

20 <400> 7  
 atg gag aac ttc tgg tcg atc gtc gtg ttt ttt cta ctc tca att ctc 48  
 Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
 1 5 10 15

25 ttc att tta tat aac ata tcg aca gta tgc cac tac tat atg cgg att 96  
 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile  
 20 25 30

30 tcg ttt tat tac ttc aca att tta ttg cat gga atg gaa gtt tgt gtt 144  
 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
 35 40 45

35 aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg aag ggt gct gat tac gtg ttt 192  
 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
 50 55 60

40 cac tcg ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg act ggt gtt cat aca aca gtc 240  
 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
 65 70 75 80

45 tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa ggt ccg gcc gta gtt att tgt 288  
 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
 85 90 95

50 aat cat cag ggt tct ctc gac att cta tcg atg gca tca atc tgg ccg 336  
 Asn His Gln Gly Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
 100 105 110

55 aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga att ctt gcc tat gtt cca ttc 384  
 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
 115 120 125

60 ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac aca atc ttc atc gat cga tat 432  
 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
 130 135 140

65 aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt gat tat tgt gca tct gaa atg 480  
 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
 145 150 155 160

70 aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta ttt ccg gaa gga aca aga aat 528  
 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn

10

165

170

175

5 cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag aaa gga gca ttc aat att gca 576  
 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
 180 185 190

10 gtt cgt gcg cag att ccc att att cca gtt gta ttc tca gac tat cgg 624  
 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
 195 200 205

15 gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat ttc aag aat gat gga gaa gtt 672  
 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
 210 215 220

15 gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca aca aaa ggg ctc act ctt gat 720  
 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
 225 230 235 240

20 gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt cgg gac gtt atg ttg gca gcc 768  
 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
 245 250 255

25 tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag caa cga aat gcg aca cgg cgt 816  
 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg  
 260 265 270

30 gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct gag taa 849  
 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu  
 275 280

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 282

&lt;212&gt; PRT

35 <213> Caenorhabditis elegans

&lt;400&gt; 8

40 Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
 1 5 10 15

45 Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile  
 20 25 30

Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
 35 40 45

50 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
 50 55 60

55 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
 65 70 75 80

60 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
 85 90 95

## 11

Asn His Gln Gly Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
100 105 110

5 Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
115 120 125

10 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
130 135 140

15 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
145 150 155 160

Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn  
165 170 175

20 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
180 185 190

25 Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
195 200 205

30 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
210 215 220

35 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
225 230 235 240

Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
245 250 255

40 Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg  
260 265 270

45 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu  
275 280

50 <210> 9  
<211> 1578  
<212> DNA  
<213> Physcomitrella patens

55 <220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1578)  
<223> Delta-6-Desaturase

60 <400> 9  
atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac  
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

12

1	5	10	15	
atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe	20	25	30	96
agt tat gtg tct tca act gtt ggt tgc tgg agc gta cac agt ata caa Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln	35	40	45	144
cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tgc gaa agc gct gcc Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala	50	55	60	192
gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tgc agt acc cag gga Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly	65	70	75	240
act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg	85	90	95	288
tca tct cag tgg aag aag tgc aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val	100	105	110	336
cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr	115	120	125	384
gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser	130	135	140	432
act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala	145	150	155	480
gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu	165	170	175	528
agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg	180	185	190	576
gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tgc aaa ttg tac tat Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr	195	200	205	624
gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala	210	215	220	672
ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys	225	230	235	720
atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe	245	250	255	768

## 13

	ctc	cac	aat	cag	gtg	ttt	gag	aca	cgc	tgg	ctt	aat	gaa	gtt	gtc	ggg	816
	Leu	His	Asn	Gln	Val	Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Glu	Val	Val	Gly	
				260					265					270			
5	tat	gtg	atc	ggc	aac	gcc	gtt	ctg	ggg	ttt	agt	aca	ggg	tgg	tgg	aag	864
	Tyr	Val	Ile	Gly	Asn	Ala	Val	Leu	Gly	Phe	Ser	Thr	Gly	Trp	Trp	Lys	
			275					280					285				
10	gag	aag	cat	aac	ctt	cat	cat	gct	gct	cca	aat	gaa	tgc	gat	cag	act	912
	Glu	Lys	His	Asn	Leu	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Glu	Cys	Asp	Gln	Thr	
			290					295				300					
15	tac	caa	cca	att	gat	gaa	gat	att	gat	act	ctc	ccc	ctc	att	gcc	tgg	960
	Tyr	Gln	Pro	Ile	Asp	Glu	Asp	Ile	Asp	Thr	Leu	Pro	Leu	Ile	Ala	Trp	
	305					310					315					320	
20	agc	aag	gac	ata	ctg	gcc	aca	gtt	gag	aat	aag	aca	ttc	ttg	cga	atc	1008
	Ser	Lys	Asp	Ile	Leu	Ala	Thr	Val	Glu	Asn	Lys	Thr	Phe	Leu	Arg	Ile	
				325						330					335		
25	ctc	caa	tac	cag	cat	ctg	ttc	ttc	atg	ggg	ctg	tta	ttt	ttc	gcc	cgt	1056
	Leu	Gln	Tyr	Gln	His	Leu	Phe	Phe	Met	Gly	Leu	Leu	Phe	Phe	Ala	Arg	
				340					345					350			
30	ggt	agt	tgg	ctc	ttt	tgg	agc	tgg	aga	tat	acc	tct	aca	gca	gtg	ctc	1104
	Gly	Ser	Trp	Leu	Phe	Trp	Ser	Trp	Arg	Tyr	Thr	Ser	Thr	Ala	Val	Leu	
			355					360					365				
35	tca	cct	gtc	gac	agg	ttg	ttg	gag	aag	gga	act	gtt	ctg	ttt	cac	tac	1152
	Ser	Pro	Val	Asp	Arg	Leu	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Val	Leu	Phe	His	Tyr	
			370					375				380					
40	ttt	tgg	ttc	gtc	ggg	aca	gcg	tgc	tat	ctt	ctc	cct	ggg	tgg	aag	cca	1200
	Phe	Trp	Phe	Val	Gly	Thr	Ala	Cys	Tyr	Leu	Leu	Pro	Gly	Trp	Lys	Pro	
	385					390					395					400	
45	tta	gta	tgg	atg	gcg	gtg	act	gag	ctc	atg	tcc	ggc	atg	ctg	ctg	ggc	1248
	Leu	Val	Trp	Met	Ala	Val	Thr	Glu	Leu	Met	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly	
				405						410					415		
50	ttt	gta	ttt	gta	ctt	agc	cac	aat	ggg	atg	gag	gtt	tat	aat	tgc	tct	1296
	Phe	Val	Phe	Val	Leu	Ser	His	Asn	Gly	Met	Glu	Val	Tyr	Asn	Ser	Ser	
				420					425					430			
55	aaa	gaa	ttc	gtg	agt	gca	cag	atc	gta	tcc	aca	cgg	gat	atc	aaa	gga	1344
	Lys	Glu	Phe	Val	Ser	Ala	Gln	Ile	Val	Ser	Thr	Arg	Asp	Ile	Lys	Gly	
			435					440					445				
60	aac	ata	ttc	aac	gac	tgg	ttc	act	ggg	ggc	ctt	aac	agg	caa	ata	gag	1392
	Asn	Ile	Phe	Asn	Asp	Trp	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Arg	Gln	Ile	Glu	
			450					455				460					
65	cat	cat	ctt	ttc	cca	aca	atg	ccc	agg	cat	aat	tta	aac	aaa	ata	gca	1440
	His	His	Leu	Phe	Pro	Thr	Met	Pro	Arg	His	Asn	Leu	Asn	Lys	Ile	Ala	
	465					470					475					480	
70	cct	aga	gtg	gag	gtg	ttc	tgt	aag	aaa	cac	ggg	ctg	gtg	tac	gaa	gac	1488
	Pro	Arg	Val	Glu	Val	Phe	Cys	Lys	Lys	His	Gly	Leu	Val	Tyr	Glu	Asp	
					485					490					495		
75	gta	tct	att	gct	acc	ggc	act	tgc	aag	gtt	ttg	aaa	gca	ttg	aag	gaa	1536
	Val	Ser	Ile	Ala	Thr	Gly	Thr	Cys	Lys	Val	Leu	Lys	Ala	Leu	Lys	Glu	

14

500

505

510

5 gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa 1578  
 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
 515 520 525

10 <210> 10  
 <211> 525  
 <212> PRT  
 <213> Physcomitrella patens  
 <400> 10

15 Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn  
 1 5 10 15

20 Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe  
 20 25 30

25 Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln  
 35 40 45

30 Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala  
 50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly  
 65 70 75 80

35 Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg  
 85 90 95

40 Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val  
 100 105 110

45 His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr  
 115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser  
 130 135 140

50 Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala  
 145 150 155 160

55 Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu  
 165 170 175

60 Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg  
 180 185 190

## 15

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
195 200 205

5 Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
210 215 220

10 Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
225 230 235 240

15 Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
245 250 255

20 Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly  
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys  
275 280 285

25 Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr  
290 295 300

30 Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp  
305 310 315 320

35 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile  
325 330 335

40 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg  
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu  
355 360 365

45 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr  
370 375 380

50 Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro  
385 390 395 400

55 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly  
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser  
420 425 430

60 Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly  
435 440 445



5 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
465 470 475 480

10 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp  
485 490 495

15 Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu  
500 505 510

20 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
515 520 525

25 <210> 11  
<211> 1192  
<212> DNA  
<213> Physcomitrella patens

<220>  
<221> CDS  
30 <222> (58)..(930)  
<223> Delta-6-Elongase

35 <400> 11  
ctgcttcgctc tcacctctggg ggtgtgattc gggagtgggt tgagttggtg gacgcga 57

atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 105  
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
1 5 10 15

40 cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 153  
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
20 25 30

45 acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc 201  
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
35 40 45

50 gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg 249  
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
50 55 60

55 tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg 297  
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
65 70 75 80

60 ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt 345  
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
85 90 95

ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac 393  
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr

17

	100	105	110	
5	tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile 115 120 125	441		
10	ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr 130 135 140	489		
	gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His 145 150 155 160	537		
15	gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His 165 170 175	585		
20	cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly 180 185 190	633		
25	gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg 195 200 205	681		
30	agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu 210 215 220	729		
	aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr 225 230 235 240	777		
35	tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile 245 250 255	825		
40	ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr 260 265 270	873		
5	gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys 275 280 285	921		
	act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg Thr Glu 290	970		
50	aagttggtgc tttcttatct ccacttatct tttaagcagc atcagttttg aaatgatgtg	1030		
	tgggcgtggt ctgcaagtag tcatcaatat aatcggcctg agcacttcag atggattggt	1090		
55	agaacatgag taaaagcggg tattacgggtg tttattttgt accaaatcac cgcacgggtg	1150		
	aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaa aa	1192		
60	<210> 12 <211> 290 <212> PRT			

18

&lt;213&gt; Physcomitrella patens

&lt;400&gt; 12

5 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
1 5 10 15

10 Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
20 25 30

15 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
35 40 45

20 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
65 70 75 80

25 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
85 90 95

30 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
100 105 110

35 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
115 120 125

40 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
145 150 155 160

45 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
165 170 175

50 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
180 185 190

55 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
210 215 220

60 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
225 230 235 240

19

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
 245 250 255  
 5

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
 260 265 270  
 10

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
 275 280 285  
 15

Thr Glu  
 290  
 20

<210> 13  
 <211> 1410  
 <212> DNA  
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*  
 25

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1410)  
 <223> Delta-5-Desaturase  
 30

<400> 13  
 atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48  
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val  
 1 5 10 15  
 35

gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96  
 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser  
 20 25 30  
 40

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144  
 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr  
 35 40 45  
 45

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192  
 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe  
 50 55 60  
 50

ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240  
 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His  
 65 70 75 80  
 55

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288  
 Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp  
 85 90 95  
 60

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa 336  
 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys  
 100 105 110  
 60

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg 384  
 Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
 115 120 125

## 20

	gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu 130 135 140	432
5	cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala 145 150 155 160	480
10	tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala 165 170 175	528
15	aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly 180 185 190	576
20	ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln 195 200 205	624
25	cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp 210 215 220	672
30	agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp 225 230 235 240	720
35	cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met 245 250 255	768
40	ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile 260 265 270	816
45	ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp 275 280 285	864
50	aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala 290 295 300	912
55	gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly 305 310 315 320	960
60	ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val 325 330 335	1008
65	gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe 340 345 350	1056
70	gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu 355 360 365	1104
75	cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly 370 375 380 385 390	1152

## 21

	370	375	380	
5	gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu 385 390 395 400			1200
10	cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala 405 410 415			1248
15	ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr 420 425 430			1296
20	tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His 435 440 445			1344
25	gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro 450 455 460			1392
30	ttg acc gga cgg gcg taa Leu Thr Gly Arg Ala 465			1410
35	<210> 14 <211> 469 <212> PRT <213> <i>Phaeodactylum tricornutum</i>  <400> 14			
40	Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val 1 5 10 15			
45	Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser 20 25 30			
50	Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr 35 40 45			
55	Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe 50 55 60			
60	Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His 65 70 75 80			
65	Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp 85 90 95			
70	Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys 100 105 110			

## 22

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
115 120 125

5 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu  
130 135 140

10 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala  
145 150 155 160

15 Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala  
165 170 175

20 Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly  
180 185 190

25 Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln  
195 200 205

30 His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp  
210 215 220

35 Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp  
225 230 235 240

40 His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met  
245 250 255

45 Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile  
260 265 270

50 Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp  
275 280 285

55 Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala  
290 295 300

60 Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly  
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val  
325 330 335

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe  
340 345 350

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu  
355 360 365

23

5 Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly  
370 375 380

10 Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu  
385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala  
405 410 415

15 Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr  
420 425 430

20 Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His  
435 440 445

25 Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro  
450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala  
465

30

<210> 15  
<211> 3598

<212> DNA

<213> artificial sequence

35

<220>

<221> misc\_feature

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionska  
ssette in Vektor pUC19 dar

40

<400> 15

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccc gagacggtca 60

45

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccc tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcggggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

50

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

55

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480

60

gtgtgttatg tatgtgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgcaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600



## 24

	tttttgtctt	ctaaatacat	atactaataca	actggaaatg	taaatatattg	ctaataatttc	660
	tactatagga	gaattaaagt	gagtgaatat	ggtaccacaa	ggtttggaga	tttaattggt	720
5	gcaatgctgc	atggatggca	tatacaccaa	acattcaata	attcttgagg	ataataatgg	780
	taccacacaa	gatttgaggt	gcatgaacgt	cacgtggaca	aaagggttag	taatttttca	840
10	agacaacaat	gttaccacac	acaagttttg	aggtgcatgc	atggatgccc	tgtggaaagt	900
	ttaaaaatat	tttggaaatg	atttgcatgg	aagccatgtg	taaaaccatg	acatccactt	960
	ggaggatgca	ataatgaaga	aaactacaaa	tttcatgca	actagttatg	catgtagtct	1020
15	atataatgag	gattttgcaa	tactttcatt	catacacact	cactaagttt	tacacgatta	1080
	taatttcttc	atagccagcc	caccgcggtg	ggcgccgccc	tgcagtctag	aaggcctcct	1140
	gctttaatga	gatatgcgag	acgcctatga	tcgcatgata	tttgctttca	attctgttgt	1200
20	gcacgttgta	aaaaacctga	gcatgtgtag	ctcagatcct	taccgccggt	ttcggttcat	1260
	tctaataaat	atatcacccg	ttactatcgt	atttttatga	ataatattct	ccgttcaatt	1320
25	tactgattgt	ccgtcgacga	attcgagctc	ggcgccgcaa	gcttggcgta	atcatggtca	1380
	tagctgtttc	ctgtgtgaaa	ttgttatccg	ctcacaattc	cacacaacat	acgagccgga	1440
	agcataaagt	gtaaagcctg	gggtgcctaa	tgagtgagct	aactcacatt	aattgcgttg	1500
30	cgctcactgc	ccgctttcca	gtcgggaaac	ctgtcgtgcc	agctgcatta	atgaatcggc	1560
	caacgcgcgg	ggagaggcgg	tttgcgattt	ggcgctctt	ccgcttcctc	gctcactgac	1620
35	tcgctgcgct	cggtcggttc	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	ggcggttaata	1680
	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	aggccagcaa	1740
	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcggtg	ctggcgtttt	tccataggct	ccgccccctt	1800
40	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	cagaggtggc	gaaacccgac	aggactataa	1860
	agataccagg	cgtttccccc	tggaaagctc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	gaccctgccg	1920
45	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tggcgctttc	tcatagctca	1980
	cgctgtaggt	atctcagttc	ggtgtaggtc	gttcgctcca	agctgggctg	tgtgcacgaa	2040
50	ccccccgttc	agcccgaccg	ctgcgcctta	tccggtaact	atcgtcttga	gtccaacccg	2100
	gtaagacacg	acttatcgcc	actggcagca	gccactggta	acaggattag	cagagcgagg	2160
	tatgtaggcg	gtgctacaga	gttcttgaag	tggtggccta	actacggcta	cactagaagg	2220
55	acagtatttg	gtatctgcgc	tctgctgaag	ccagttacct	tcggaaaaag	agttggtagc	2280
	tcttgatccg	gcaaacaaac	caccgctggg	agcggtggtt	tttttgtttg	caagcagcag	2340
60	attacgcgca	gaaaaaaagg	atctcaagaa	gaccccttga	tcttttctac	ggggtctgac	2400
	gctcagtggg	acgaaaactc	acgttaaggg	attttgggtc	tgagattatc	aaaaaggatc	2460

## 25

ttcacctaga tccttttaaa ttaaaaatga agtttttaaat caatctaaag tatatatgag 2520  
 taaacttggg ctgacagtta ccaatgctta atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt 2580  
 5 ctatttcgtt catccatagt tgcctgactc cccgtcgtgt agataactac gatacgggag 2640  
 ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg ataccgcgag acccacgctc accgggtcca 2700  
 10 gatttatcag caataaacca gccagccgga agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact 2760  
 ttatccgcct ccatccagtc tattaattgt tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca 2820  
 gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt gctacaggca tcgtgggtgtc acgctcgtcg 2880  
 15 tttggatatgg cttcattcag ctccggttcc caacgatcaa ggcgagttac atgatcccc 2940  
 atgttgtgca aaaaagcggg tagctccttc ggtcctccga tcgttgtcag aagtaagttg 3000  
 20 gccgcagtgt tatcactcat ggttatggca gcactgcata attctcttac tgtcatgcca 3060  
 tccgtaagat gcttttctgt gactgggtgag tactcaacca agtcattctg agaatagtgt 3120  
 atgcggcgac cgagttgctc ttgcccggcg tcaatacggg ataataccgc gccacatagc 3180  
 25 agaactttaa aagtgtcat cattggaaaa cgttcttcgg ggcgaaaact ctcaaggatc 3240  
 ttaccgctgt tgagatccag ttcatgttaa cccactcgtg cacccaactg atcttcagca 3300  
 30 tcttttactt tcaccagcgt ttctgggtga gcaaaaacag gaaggcaaaa tgccgcaaaa 3360  
 aagggaataa gggcgacacg gaaatgttga atactcatac tcttcctttt tcaatattat 3420  
 tgaagcattt atcagggtta ttgtctcatg agcggataca tatttgaatg tatttagaaa 3480  
 35 aataaacaaa taggggttcc gcgcacattt ccccgaaaag tgccacctga cgtctaagaa 3540  
 accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ctttcgtc 3598  
 40 <210> 16  
 <211> 3590  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence  
 45 <220>  
 <221> misc\_feature  
 <223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionska  
 ssette in Vektor pUC19 dar  
 50  
 <400> 16  
 tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacggtca 60  
 55 cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120  
 ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180  
 accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240  
 60 attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300  
 tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

	tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga	420
5	gcaaattttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat	480
	gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct	540
	tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta	600
10	tttttgtctt cttaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatattg ctaatatctt	660
	tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgaggaga tttaattggt	720
15	gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg	780
	taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca	840
	agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt	900
20	ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt	960
	ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct	1020
25	atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta	1080
	taattttctt atagccagcg gatccgatat cgggcccgtc agcgttaacc ctgctttaat	1140
	gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg	1200
30	taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccc gtttcgggtt attctaata	1260
	atatatcacc cgttactatc gtattttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt	1320
35	gtccgtcgac gaattcgagc tcggcgcgcc aagcttggcg taatcatggt catagctgtt	1380
	tcctgtgtga aattgttatc cgctcacaat tccacacaac atacgagccc gaagcataaa	1440
	gtgtaaagcc tggggtgcct aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact	1500
40	gcccgttttc cagtcgggaa acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc	1560
	ggggagaggc ggtttgcgta ttgggcgctc ttccgcttcc togetcactg actcgctgcg	1620
45	ctcggtcggt cggctgcggc gagcggatc agctcactca aaggcggtaa tacggttatc	1680
	cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag	1740
	gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcggt tttccatagg ctccgcccc ctgacgagca	1800
50	tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagagggt gcgaaacccg acaggactat aaagatacca	1860
	ggcgtttccc cctggaagct ccctcggtcg ctctcctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg	1920
55	atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag	1980
	gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aacccccgt	2040
	tcagcccgcg cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggtaaagaca	2100
60	cgacttatcg ccaactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg	2160
	cgggtgctaca gaggttctga agtgggtggc taactacggc tacactagaa ggacagtatt	2220

## 27

tggtatctgc gctctgctga agccagttac cttcggaaaa agagttggta gctcttgatc 2280  
5 cggcaaacaa accaccgctg gtagcgggtg tttttttgtt tgcaagcagc agattacgcg 2340  
cagaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acgggggtctg acgctcagtg 2400  
gaacgaaaac tcacgttaag ggatttttgg catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta 2460  
10 gatcctttta aattaaat gaagtttta atcaatctaa agtatatatg agtaaacttg 2520  
gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg 2580  
15 ttcattccata gttgcctgac tccccgtcgt gtagataact acgatacggg agggcttacc 2640  
atctggcccc agtgctgcaa tgataccgag agaccacgc tcaccggctc cagatttatc 2700  
agcaataaac cagccagccg gaagggccga gcgcagaagt ggtcctgcaa ctttatccgc 2760  
20 ctccatccag tctattaatt gttgcgggga agctagagta agtagttcgc cagttaatag 2820  
tttgcgcaac gttgttgcca ttgctacagg catcgtgggtg tcacgctcgt cgtttggtat 2880  
25 ggcttcattc agctccggtt cccaacgac aaggcgagtt acatgatccc ccatgtttgtg 2940  
caaaaaagcg gttagctcct tcggctctcc gatcgttgctc agaagtaagt tggccgcagt 3000  
gttatcactc atgggttatgg cagcactgca taattctctt actgtcatgc catccgtaag 3060  
30 atgcttttct gtgactgggtg agtactcaac caagtcattc tgagaatagt gtatgcggcg 3120  
accgagttgc tcttgcccgg cgtcaatcgc ggataatacc gcgccacata gcagaacttt 3180  
35 aaaagtgtc atcattggaa aacgttcttc ggggcgaaaa ctctcaagga tcttaccgct 3240  
gttgagatcc agttcgatgt aaccactcgc tgcacccaac tgatcttcag catcttttac 3300  
tttcaccagc gtttctgggt gagcaaaaac aggaaggcaa aatgccgcaa aaaaggaat 3360  
40 aagggcgaca cggaaatgtt gaatactcat actcttctt tttcaatatt attgaagcat 3420  
ttatcagggt tattgtctca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 3480  
45 aataggggtt ccgcgcacat ttccccgaaa agtgccacct gacgtctaag aaaccattat 3540  
tatcatgaca ttaacctata aaaataggcg tatcacgagg ccctttcgtc 3590

50 <210> 17  
<211> 3584  
<212> DNA  
<213> artificial sequence

55 <220>  
<221> misc\_feature  
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionska  
ssette in Vektor pUC19 dar

60 <400> 17  
tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60

28

	cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg	120
	ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc	180
5	accatattgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc	240
	attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcggggc tcttcgctat	300
10	tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt	360
	tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga	420
	gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat	480
15	gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct	540
	tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta	600
20	tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc	660
	tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgaga tttaattggt	720
	gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg	780
25	taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggttag taatttttca	840
	agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt	900
30	ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt	960
	ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct	1020
	atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta	1080
35	taattttctt atagccagca gatctgcgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat	1140
	gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg	1200
40	taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcgggtt attctaata	1260
	atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt	1320
	gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaataca tggcatagc tgtttcctgt	1380
45	gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa	1440
	agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc	1500
50	tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag	1560
	aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgc ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt	1620
	cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacgggt tatccacaga	1680
55	atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg	1740
	taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcacia	1800
60	aatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt	1860
	tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct	1920

## 29

gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980  
cagttcgggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040  
5 cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aacccggtaa gacacgactt 2100  
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtgc 2160  
10 tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggtacact agaaggacag tatttggtat 2220  
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa 2280  
acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340  
15 aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400  
aaactcacgt taagggattt tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460  
20 tttaaattaa aatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttgggtctga 2520  
cagttaccaaa tgcttaataa gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580  
catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640  
25 cccagtgct gcaatgatac cgcgagaccc acgtcacccg gctccagatt tatcagcaat 2700  
aaaccagcca gccggaagg cgcgagcag aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760  
ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820  
30 caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880  
attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940  
35 agcgggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc 3000  
actcatgggt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060  
40 ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120  
ttgctcttgc ccggcgtaaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180  
gtcatcatt ggaacacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240  
45 atccagttcg atgtaaccca ctctgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300  
cagcgtttct gggtgagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360  
50 gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420  
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480  
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540  
55 gacattaacc tataaaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgct 3584

&lt;210&gt; 18

&lt;211&gt; 4507

60 &lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; artificial sequence

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;223&gt; Sequenz stellt eine pflanzliche Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor pUC19 dar

5

&lt;400&gt; 18

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60  
10 cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120  
ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180  
15 accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240  
attcgccatt caggctgccc aactgttggg aagggcgatc ggtgcggggc tcttcgctat 300  
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360  
20 tttcccgatc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccc agctcctcga 420  
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480  
25 gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600  
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660  
30 tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga tttaattggt 720  
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
35 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cagtgggaca aaagggttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900  
ttaaaaaat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
40 ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
45 taattttctt atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140  
gctttaatga gatatgagac acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200  
gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtg ctcagatcct taccgccggg ttcggttcat 1260  
50 tctaataaat atatcaccg ttactatcgt atttttatga ataataattt ccgttcaatt 1320  
tactgattgt ccgtcgagca aatttacaca ttgccactaa acgtctaaac ccttgtaatt 1380  
55 tgtttttgtt ttactatgtg tggtatgtat ttgatttgcg ataaattttt atatttggtg 1440  
ctaaatttat aacacctttt atgctaacgt ttgccaacac ttagcaattt gcaagttgat 1500  
taattgattc taaattattt ttgtcttcta aatacatata ctaatcaact ggaaatgtaa 1560  
60 atatttgcta atattttctac tataggagaa ttaaagttag tgaatatggt accacaagg 1620  
ttggagattt aattgttgca atgctgcatg gatggcatat acaccaaaca ttcaataatt 1680

## 31

cttgaggata ataatggtac cacacaagat ttgaggtgca tgaacgtcac gtggacaaaa 1740  
5 ggtttagtaa tttttcaaga caacaatggt accacacaca agttttgagg tgcattgcatg 1800  
gatgccctgt ggaaagttaa aaaatatattt ggaaatgatt tgcattggaag ccatgtgtaa 1860  
aaccatgaca tccacttgga ggatgcaata atgaagaaaa ctacaaattt acatgcaact 1920  
10 agttatgcat gtagtctata taatgaggat ttgcaatac ttccattcat acacactcac 1980  
taagttttac acgattataa tttcttcata gccagcggat ccgatatcgg gcccgctagc 2040  
15 gttaaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat cgcattgatat ttgctttcaa 2100  
ttctgttggt cacgttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgcgggtt 2160  
tcggttcatt ctaatgaata tatcaccgt tactatcgta tttttatgaa taatattctc 2220  
20 cgttcaattt actgattgtc cgtcgacgaa ttcgagctcg gcgcgccaag cttggcgtaa 2280  
tcattggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tgttatccgc tcacaattcc acacaacata 2340  
25 cgagccggaa gcataaagt taaagcctgg ggtgcctaata gagtgagcta actcacatta 2400  
attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgcgtgcca gctgcattaa 2460  
tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggg ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttcctcg 2520  
30 ctactgact cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggatatcagc tactcaaag 2580  
gcggtaatac ggttatccac agaatacagg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 2640  
35 ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcggtttt ccataggctc 2700  
cgccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agagggtggcg aaacccgaca 2760  
ggactataaa gataaccaggc gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttccg 2820  
40 accctgccgc ttaccggata cctgtccgc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct 2880  
catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggctc ttcgctccaa gctgggctgt 2940  
45 gtgcacgaac cccccgttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggttaacta tcgtcttgag 3000  
tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccatggtaa caggattagc 3060  
agagcgagggt atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac 3120  
50 actagaagga cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga 3180  
gttggttagct cttgatccgg caaacaacc accgctggta gcgggtggtt ttttgtttgc 3240  
55 aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg 3300  
gggtctgacg ctactggaa cgaaaactca cgtaaggga ttttggatcat gagattatca 3360  
aaaaggatct tcacctagat ctttttaaata taaaaatgaa gttttaaatc aatctaaagt 3420  
60 atatatgagt aaacttggtc tgacagttac caatgcttaa tcagtggagg acctatctca 3480  
gcgatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgta gataactacg 3540



## 32

atcacgggagg gcttaccatc tggccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgctca 3600  
5 ccggctccag atttatcagc aataaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtggg 3660  
cctgcaactt tatccgcctc catccagtct attaattggt gccgggaagc tagagtaagt 3720  
agttcgccag ttaatagttt gcgcaacgtt gttgccattg ctacaggcat cgtggtgtca 3780  
10 cgctcgtcgt ttggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca 3840  
tgatccccc tgttggtgcaa aaaagcgggt agctccttcg gtcctccgat cgttggtcaga 3900  
15 agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact 3960  
gtcatgccat ccgtaagatg cttttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga 4020  
gaatagtgt tgcggcgacc gagttgctct tgcccggcgt caatacggga taataccgcg 4080  
20 ccacatagca gaactttaaa agtgctcatc attggaaaac gttcttcggg gcgaaaactc 4140  
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac ccactcgtgc acccaactga 4200  
25 tcttcagcat cttttacttt caccagcgtt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat 4260  
gccgcaaaaa agggaataag ggcgacacgg aaatgttgaa tactcatact cttccttttt 4320  
caatattatt gaagcattta tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt 4380  
30 atttagaaaa ataaacaaat aggggttccg cgcacatttc cccgaaaagt gccacctgac 4440  
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggccc 4500  
35 tttcgtc 4507

<210> 19  
<211> 17752  
<212> DNA  
40 <213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*

<220>  
<221> CDS  
<222> (11543)..(12415)  
45 <223> Delta-6-Elongase

<220>  
<221> CDS  
50 <222> (13313)..(14890)  
<223> Delta-6-Desaturase

<220>  
<221> CDS  
55 <222> (15791)..(17200)  
<223> Delta-5-Desaturase

60 <400> 19  
gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

## 33

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120  
tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggccggg cagcaccggc 180  
5 ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
10 ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgaaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480  
15 tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
20 ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
25 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcgga 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
30 ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
35 ccaccgctc agacgccgt agcagccgc tacgggcttt ttcattgcct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgcttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
40 gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
45 ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaaccgcgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500  
50 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttggt tgtatccaac 1680  
55 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800  
60 ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920

## 34

	aggcggcggc	ggccggcatg	agcctgtcgg	cctacctgct	ggccgtcggc	cagggctaca	1980
	aaatcacggg	cgtcgtggac	tatgagcacg	tccgcgagct	ggcccgcac	aatggcgacc	2040
5	tgggcccgcct	gggcccgcctg	ctgaaactct	ggctcaccga	cgacccgcgc	acggcgcggt	2100
	tcggtgatgc	cacgatcctc	gccctgctgg	cgaagatcga	agagaagcag	gacgagcttg	2160
10	gcaaggatcat	gatgggctg	gtccgcccga	gggcagagcc	atgacttttt	tagccgctaa	2220
	aacggccggg	gggtgcgctg	gattgccaa	cacgtcccca	tgcgctccat	caagaagagc	2280
	gacttcgcgg	agctggtgaa	gtacatcacc	gacgagcaag	gcaagaccga	gcgcctttgc	2340
15	gacgctcacc	gggctggttg	ccctcgccgc	tgggctggcg	gccgtctatg	gccctgcaaa	2400
	cgcgccagaa	acgccgtcga	agccgtgtgc	gagacaccgc	ggccgcgggc	gttgtggata	2460
20	cctcgcgga	aacttgcccc	tcactgacag	atgaggggcg	gacgttgaca	cttgaggggc	2520
	cgactcacc	ggcgcgcgct	tgacagatga	ggggcaggct	cgatttcggc	cggcgacgtg	2580
	gagctggcca	gcctcgcaaa	tcggcgaaaa	cgctgattt	tacgogagtt	ttccacagat	2640
25	gatgtggaca	agcctgggga	taagtgcct	gcggtattga	cacttgaggg	gcgcgactac	2700
	tgacagatga	ggggcgcgat	ccttgacact	tgaggggcag	agtgttgaca	gatgaggggc	2760
30	gcacctattg	acatttgagg	ggctgtccac	aggcagaaaa	tccagcattt	gcaagggttt	2820
	ccgcccgttt	ttcgccacc	gctaacctgt	cttttaacct	gcttttaaac	caatatttat	2880
	aaaccttggt	tttaaccagg	gctgcgccct	gtgcgcgtga	ccgcgcacgc	cgaagggggg	2940
35	tgccccccct	tctgaaccc	tcccggcccc	ctaaccgggg	cctcccatcc	ccccaggggc	3000
	tgcgcccctc	ggccgcgaac	ggcctcacc	caaaaatggc	agcgctggca	gtccttgcca	3060
40	ttgccgggat	cggggcagta	acgggatggg	cgatcagccc	gagcgcgacg	cccgaagca	3120
	ttgacgtgcc	gcagggtgctg	gcatcgacat	tcagcgacca	ggtgccgggc	agtgagggcg	3180
	gcggcctggg	tggcgccctg	cccttcactt	cgccgtcgg	ggcattcacg	gacttcattg	3240
45	cggggccggc	aatttttacc	ttgggcattc	ttggcatagt	ggtcgcggg	gccgtgctcg	3300
	tgttcggggg	tgcgataaac	ccagcgaacc	atttgaggtg	ataggtaaga	ttataccgag	3360
50	gtatgaaaac	gagaattgga	cctttacaga	attactctat	gaagcgccat	atttaaaaag	3420
	ctaccaagac	gaagaggatg	aagaggatga	ggaggcagat	tgccttgaat	atattgacaa	3480
	tactgataag	ataatatatc	ttttatatag	aagatatcgc	cgtatgtaag	gatttcaggg	3540
55	ggcaaggcat	aggcagcgcg	cttatcaata	tatctataga	atgggcaaag	cataaaaact	3600
	tgcatggact	aatgcttgaa	accagggaca	ataaccttat	agcttgtaaa	ttctatcata	3660
60	attgggtaat	gactccaact	tattgatagt	gttttatggt	cagataatgc	ccgatgactt	3720
	tgtcatgcag	ctccaccgat	tttgagaacg	acagcgactt	ccgtcccagc	cgtgccaggt	3780

## 35

gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata gcgccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
5 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgctc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaacagc cagcgtggc 4020  
10 gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgctgag gttaccgact gcgccctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccg catccaacgc cattcatggc 4200  
15 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtg ttttgccgtt 4320  
20 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
25 aaaagctggt ttctggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
30 taaatggcta aatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
35 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggc cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
40 gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
45 gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
50 gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtgggtat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtogag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
55 ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTtg ctctcaggcc gagggccacg gcaagtattt 5520  
60 gggcaagggg tcgctggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cgccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640

## 36

	ggcaccaggc	gggtcaaadc	aggaataagg	gcacattgcc	cgggcgtgag	tcggggcaat	5700
	cccgaagga	gggtgaatga	atcggacgtt	tgaccggaag	gcatacaggc	aagaactgat	5760
5	cgacgcgggg	ttttccgccg	aggatgccga	aaccatcgca	agccgcaccg	tcatgcgtgc	5820
	gccccgcgaa	accttccagt	ccgtcgggtc	gatgggtccag	caagctacgg	ccaagatcga	5880
10	gcgcgacagc	gtgcaactgg	ctccccctgc	cctgcccgcg	ccatcggccg	ccgtggagcg	5940
	ttcgcgtcgt	ctcgaacagg	aggcggcagg	tttggcgaag	tcgatgacca	tcgacacgcg	6000
	aggaactatg	acgaccaaga	agcgaaaaac	cgccggcgag	gacctggcaa	aacaggtcag	6060
15	cgaggccaag	caggccgcgt	tgctgaaaca	cacgaagcag	cagatcaagg	aaatgcagct	6120
	ttccttgttc	gatattgcgc	cgtggccgga	cacgatgcga	gcatgcca	acgacacggc	6180
20	ccgctctgcc	ctgttcacca	cgcgcaacaa	gaaaatcccg	cgcgaggcgc	tgaaaacaa	6240
	ggtcattttc	cacgtcaaca	aggacgtgaa	gatcacctac	accggcgtcg	agctgcgggc	6300
	cgacgatgac	gaactggtgt	ggcagcaggt	gttgagtagc	gcgaagcgca	cccctatcgg	6360
25	cgagccgatc	accttcacgt	tctacgagct	ttgccaggac	ctgggctggt	cgatcaatgg	6420
	ccggtattac	acgaaggccg	aggaatgcct	gtcgcgccta	caggcgacgg	cgatgggctt	6480
30	cacgtccgac	cgcgttgggc	acctggaatc	gggtgcgctg	ctgcaccgct	tccgcgtcct	6540
	ggaccgtggc	aagaaaacgt	cccggtgcc	ggctctgac	gacgaggaaa	tcgtcgtgct	6600
	gtttgctggc	gaccactaca	cgaaattcat	atgggagaag	taccgcaagc	tgctgccgac	6660
35	ggcccgcagg	atgttcgact	atttcagctc	gcaccgggag	ccgtaccgcg	tcaagctgga	6720
	aaccttccgc	ctcatgtgcg	gatcggattc	caccgcgctg	aagaagtggc	gcgagcaggt	6780
40	cggcgaagcc	tgcaagagt	tgcgaggcag	cggcctgggtg	gaacacgcct	gggtcaatga	6840
	tgacctgggtg	cattgcaaac	gctagggcct	tgtgggggtca	gttccggctg	ggggttcagc	6900
	agccagcgct	ttactggcat	ttcaggaaca	agcgggcact	gctcgacgca	cttgcttcgc	6960
45	tcagtatcgc	tcgggacgca	cggcgcgctc	tacgaactgc	cgataaacag	aggattaaaa	7020
	ttgacaattg	tgattaaggc	tcagattcga	cggcttgag	cggccgacgt	gcaggatttc	7080
50	cgcgagatcc	gattgtcggc	cctgaagaaa	gctccagaga	tggtcgggtc	cgtttacgag	7140
	cacgaggaga	aaaagcccat	ggaggcggtc	gctgaacggg	tgcgagatgc	cgtggcattc	7200
	ggcgctaca	tcgacggcga	gatcattggg	ctgtcgggtc	tcaaacagga	ggacggcccc	7260
55	aaggacgctc	acaaggcgca	tctgtccggc	gttttcgtgg	agcccgaaca	gcgaggccga	7320
	ggggtcgccc	gtatgctgct	gcgggcggtg	ccggcgggtt	tattgctcgt	gatgatcgtc	7380
60	cgacagattc	caacgggaat	ctggtggatg	cgcattctca	tcctcggcgc	acttaattatt	7440
	tcgctattct	ggagcttggt	gtttatttcg	gtctaccgcc	tgccgggccc	ggtcgcggcg	7500

## 37

	acggtaggcg	ctgtgcagcc	gctgatggtc	gtgttcatct	ctgccgctct	gctaggtagc	7560
	ccgatacgat	tgatggcggt	cctgggggct	atttgcggaa	ctgcgggctg	ggcgctgttg	7620
5	gtgttgacac	caaacgcagc	gctagatcct	gtcggcgctc	cagcgggcct	ggcgggggct	7680
	gtttccatgg	cggttcggaac	cgtgctgacc	cgcaagtggc	aacctcccgt	gcctctgctc	7740
10	acctttaccg	cctggcaact	ggcgcccgga	ggacttctgc	tcgttccagt	agcttttagtg	7800
	tttgatccgc	caatcccgat	gcctacagga	accaatgttc	tcggcctggc	gtggctcggc	7860
	ctgatcggag	cgggtttaac	ctacttcctt	tggttccggg	ggatctcgcg	actcgaacct	7920
15	acagttgttt	ccttactggg	ctttctcagc	cccagatctg	gggtcgatca	gccgggggatg	7980
	catcaggccg	acagtcggaa	cttcgggtcc	ccgacctgta	ccattcgggtg	agcaatggat	8040
20	aggggagttg	atatcgtcaa	cgttcacttc	taaagaaata	gcgccactca	gcttcctcag	8100
	cggctttatc	cagcgatttc	ctattatgtc	ggcatagttc	tcaagatcga	cagcctgtca	8160
	cggttaagcg	agaaatgaat	aagaaggctg	ataattcgga	tctctgcgag	ggagatgata	8220
25	tttgatcaca	ggcagcaacg	ctctgtcatc	gttacaatca	acatgctacc	ctccgcgaga	8280
	tcatccgtgt	ttcaaaccog	gcagcttagt	tgccgttctt	ccgaatagca	tcggtaacat	8340
30	gagcaaagtc	tgccgcctta	caacggctct	ccgctgacg	ccgtcccgga	ctgatgggct	8400
	gcctgtatcg	agtgggtgatt	ttgtgcccag	ctgccggctc	gggagctgtt	ggctggctgg	8460
	tggcaggata	tattgtgggtg	taaacaaatt	gacgcttaga	caacttaata	acacattgctg	8520
35	gacgttttta	atgtactggg	gtggtttttc	ttttcaccag	tgagacgggc	aacagctgat	8580
	tgcccttcac	cgcctggccc	tgagagagtt	gcagcaagcg	gtccacgctg	gtttgccccca	8640
40	gcaggcgaaa	atcctgtttg	atgggtgggtc	cgaaatcggc	aaaatccctt	ataaatcaaa	8700
	agaatagccc	gagatagggg	tgagtgttgt	tccagttttg	aacaagagtc	cactattaaa	8760
	gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gcccactacg	8820
45	tgaaccatca	cccaaataca	gttttttggg	gtcgaggtgc	cgtaaagcac	taaatcggaa	8880
	ccctaaaggg	agcccccgat	ttagagcttg	acgggggaaag	ccggcgaaacg	tggcgagaaa	8940
50	ggaaggggag	aaagcgaaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000
	gatcgggtgc	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	aggggggatgt	gctgcaaggc	9060
	gattaagttg	ggtaacgcca	gggttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaaacg	acggccagtg	9120
55	aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaataattt	attgataaaa	taacaagtca	9180
	gggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaatt	cagaaatatt	9240
60	tcaataactg	attatatcag	ctggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatta	9300
	tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgtcgaagct	9360

## 38

	agcttggggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
	tcgggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccattcgcc	gccaaagctct	9480
5	tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcttgatagc	ggtccgcccac	accagaccgg	9540
	ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcggcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
10	tcgccatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaaac	9660
	agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgate	gacaagaccg	9720
	gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttggtgggtc	gaatgggcag	9780
15	gtagccggat	caagcgtatg	cagccgccgc	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
	gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccggca	cttcgcccac	tagcagccag	9900
20	tccttccccg	cttcagtgc	aacgtcgagc	acagctgcgc	aaggaacgcc	cgctcgtggcc	9960
	agccacgata	gpcgcgctgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggtcgggtc	10020
	ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
25	ccgattgtct	gttggtgcca	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccaagc	ggccggagaa	10140
	cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gtcccatgg	gccctcgact	agagtcgaga	10200
30	tctggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
	agtggagcat	ttttgacaag	aaatatgtgc	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
	acgcgcaata	atggttttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aaccgcgggc	10380
35	tgagtggctc	cttcaacggt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtcccgc	10440
	gtcatcgccg	ggggtcataa	cgtgactccc	tttaattctcc	gctcatgata	ttgatccctt	10500
40	gcgccatcag	atccttgccg	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttcccac	10560
	cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaattc	cggttcgctt	gctgtccata	aaaccgtcca	10620
	gtctagctat	cgccatgtaa	gcccactgca	agctacctgc	tttctctttg	cgcttgcggt	10680
45	ttcccttgct	cagatagccc	agtagctgac	attcatccgg	ggtcagcacc	gtttctgcgg	10740
	actggctttc	tacgtgttcc	gcttccttta	gcagcccttg	cgccctgagt	gcttgccggca	10800
50	gcgtgaagct	tgcatgcctg	caggtcgacg	gcgcgccgag	ctcctcgagc	aaatttacac	10860
	attgccacta	aacgtctaaa	cccttgtaat	ttgtttttgt	tttactatgt	gtgttatgta	10920
	tttgatttgc	gataaatttt	tatatattgg	actaaattta	taacaccttt	tatgctaacg	10980
55	tttgccaaca	cttagcaatt	tgcaagttga	ttaattgatt	ctaaattatt	tttgtcttct	11040
	aaatacatat	actaatcaac	tggaatgta	aatatttgct	aatattttcta	ctataggaga	11100
60	attaaagtga	gtgaatatgg	taccacaagg	tttggagatt	taattgttgc	aatgctgcat	11160
	ggatggcata	tacaccaaac	attcaataat	tcttgaggat	aataatggta	ccacacaaga	11220

## 39

	tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt	11280
	taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt	11340
5	tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat	11400
	aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatagagga	11460
10	ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagcattata atttcttcat	11520
	agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag	11572
	Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu	
	1 5 10	
15	ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt	11620
	Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe	
	15 20 25	
20	ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
	Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
	30 35 40	
25	gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
	Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
	45 50 55	
30	gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
	Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
	60 65 70	
35	gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
	Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
	75 80 85 90	
40	ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
	Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
	95 100 105	
45	gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
	Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
	110 115 120	
50	cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
	His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
	125 130 135	
55	gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
	Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
	140 145 150	
60	caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
	Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
	155 160 165 170	
65	tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100
	Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser	
	175 180 185	
70	gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc	12148
	Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe	
	190 195 200	



## 40

	ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt	12196
	Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu	
	205 210 215	
5	ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg	12244
	Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu	
	220 225 230	
10	aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca	12292
	Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro	
	235 240 245 250	
15	caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt	12340
	Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe	
	255 260 265	
20	ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga	12388
	Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly	
	270 275 280	
	aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctctgtgttt	12435
	Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu	
	285 290	
25	aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg	12495
	ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa	12555
30	tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg	12615
	attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt	12675
	ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa	12735
35	tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt	12795
	gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt	12855
40	tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aagggttgga	12915
	gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga	12975
	ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt	13035
45	agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc	13095
	cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca	13155
50	tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta	13215
	tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt	13275
55	tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt	13330
	Met Val Phe Ala Gly Gly	
	295	
	gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att	13378
	Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile	
	300 305 310	
60	gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act	13426
	Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr	

## 41

	315	320	325	
5	gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr 330 335 340			13474
10	agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala 345 350 355 360			13522
15	gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala 365 370 375			13570
20	gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys 380 385 390			13618
25	tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp 395 400 405			13666
30	tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala 410 415 420			13714
35	gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp 425 430 435 440			13762
40	ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile 445 450 455			13810
45	ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro 460 465 470			13858
50	gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu 475 480 485			13906
55	caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr 490 495 500			13954
60	aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys 505 510 515 520			14002
65	act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe 525 530 535			14050
70	caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe 540 545 550			14098
75	gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala 555 560 565			14146

42

	gtt	ctg	ggg	ttt	agt	aca	ggg	tgg	tgg	aag	gag	aag	cat	aac	ctt	cat	14194
	Val	Leu	Gly	Phe	Ser	Thr	Gly	Trp	Trp	Lys	Glu	Lys	His	Asn	Leu	His	
	570						575				580						
5	cat	gct	gct	cca	aat	gaa	tgc	gat	cag	act	tac	caa	cca	att	gat	gaa	14242
	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Glu	Cys	Asp	Gln	Thr	Tyr	Gln	Pro	Ile	Asp	Glu	
	585					590					595					600	
10	gat	att	gat	act	ctc	ccc	ctc	att	gcc	tgg	agc	aag	gac	ata	ctg	gcc	14290
	Asp	Ile	Asp	Thr	Leu	Pro	Leu	Ile	Ala	Trp	Ser	Lys	Asp	Ile	Leu	Ala	
					605					610					615		
15	aca	gtt	gag	aat	aag	aca	ttc	ttg	cga	atc	ctc	caa	tac	cag	cat	ctg	14338
	Thr	Val	Glu	Asn	Lys	Thr	Phe	Leu	Arg	Ile	Leu	Gln	Tyr	Gln	His	Leu	
				620					625					630			
20	ttc	ttc	atg	ggg	ctg	tta	ttt	ttc	gcc	cgt	ggg	agt	tgg	ctc	ttt	tgg	14386
	Phe	Phe	Met	Gly	Leu	Leu	Phe	Phe	Ala	Arg	Gly	Ser	Trp	Leu	Phe	Trp	
			635					640					645				
25	agc	tgg	aga	tat	acc	tct	aca	gca	gtg	ctc	tca	cct	gtc	gac	agg	ttg	14434
	Ser	Trp	Arg	Tyr	Thr	Ser	Thr	Ala	Val	Leu	Ser	Pro	Val	Asp	Arg	Leu	
		650					655					660					
30	ttg	gag	aag	gga	act	gtt	ctg	ttt	cac	tac	ttt	tgg	ttc	gtc	ggg	aca	14482
	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Val	Leu	Phe	His	Tyr	Phe	Trp	Phe	Val	Gly	Thr	
		665				670					675					680	
35	gcg	tgc	tat	ctt	ctc	cct	ggg	tgg	aag	cca	tta	gta	tgg	atg	gcg	gtg	14530
	Ala	Cys	Tyr	Leu	Leu	Pro	Gly	Trp	Lys	Pro	Leu	Val	Trp	Met	Ala	Val	
					685					690					695		
40	act	gag	ctc	atg	tcc	ggc	atg	ctg	ctg	ggc	ttt	gta	ttt	gta	ctt	agc	14578
	Thr	Glu	Leu	Met	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly	Phe	Val	Phe	Val	Leu	Ser	
				700					705					710			
45	cac	aat	ggg	atg	gag	gtt	tat	aat	tcg	tct	aaa	gaa	ttc	gtg	agt	gca	14626
	His	Asn	Gly	Met	Glu	Val	Tyr	Asn	Ser	Ser	Lys	Glu	Phe	Val	Ser	Ala	
			715					720					725				
50	cag	atc	gta	tcc	aca	cgg	gat	atc	aaa	gga	aac	ata	ttc	aac	gac	tgg	14674
	Gln	Ile	Val	Ser	Thr	Arg	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Ile	Phe	Asn	Asp	Trp	
		730					735					740					
55	ttc	act	ggg	ggc	ctt	aac	agg	caa	ata	gag	cat	cat	ctt	ttc	cca	aca	14722
	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Arg	Gln	Ile	Glu	His	His	Leu	Phe	Pro	Thr	
		745				750					755					760	
60	atg	ccc	agg	cat	aat	tta	aac	aaa	ata	gca	cct	aga	gtg	gag			

810

815

5 cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc 15040  
 acccggttact atcgtatctt tatgaataat attctccgtt caattttactg attgtccgtc 15100  
 10 gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttggtt ttgttttact 15160  
 atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa tttataacac 15220  
 cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat 15280  
 15 tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt tgctaataatt 15340  
 tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atgggtaccac aagggtttgga gatttaattg 15400  
 20 ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat 15460  
 ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt 15520  
 caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgagggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa 15580  
 25 gtttaaaaat attttggaat tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac 15640  
 ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatttagt 15700  
 30 ctatataatg aggtatttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt tttacacgat 15760  
 tataatttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt 15814  
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu  
 820  
 35 cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata 15862  
 Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile  
 825 830 835  
 40 tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa 15910  
 Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu  
 840 845 850 855  
 45 gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc 15958  
 Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro  
 860 865 870  
 50 ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag 16006  
 Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln  
 875 880 885  
 55 tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg 16054  
 Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met  
 890 895 900  
 60 aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat 16102  
 Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp  
 905 910 915  
 acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga 16150  
 Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg  
 920 925 930 935

44

	cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc	16198
	Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys	
	940 945 950	
5	tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga	16246
	Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly	
	955 960 965	
10	acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att	16294
	Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile	
	970 975 980	
15	ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt	16342
	Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg	
	985 990 995	
20	ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt	16387
	Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly	
	1000 1005 1010	
	ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct	16432
	Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala	
	1015 1020 1025	
25	tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa	16477
	Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu	
	1030 1035 1040	
30	cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat cat ccc gct cgt	16522
	Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp His Pro Ala Arg	
	1045 1050 1055	
35	acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg ccc gtc ttg	16567
	Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met Pro Val Leu	
	1060 1065 1070	
40	gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att ctt gac	16612
	Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile Leu Asp	
	1075 1080 1085	
	ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac aac	16657
	Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp Asn	
	1090 1095 1100	
45	gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct	16702
	Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala	
	1105 1110 1115	
50	gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc	16747
	Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser	
	1120 1125 1130	
55	ggc ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg	16792
	Gly Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met	
	1135 1140 1145	
60	ggt gtg gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg	16837
	Gly Val Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser	
	1150 1155 1160	
	cac aat ttc gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa	16882
	His Asn Phe Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys	

## 45

	1165		1170		1175	
	aag acg gga gaa cca gtc	gac tgg ttc aag aca	cag gtc gaa act	16927		
	Lys Thr Gly Glu Pro Val	Asp Trp Phe Lys Thr	Gln Val Glu Thr			
5	1180	1185	1190			
	tcc tgc act tac ggt gga	ttc ctt tcc ggt tgc	ttc acg gga ggt	16972		
	Ser Cys Thr Tyr Gly Gly	Phe Leu Ser Gly Cys	Phe Thr Gly Gly			
10	1195	1200	1205			
	ctc aac ttt cag gtt gaa	cac cac ttg ttc cca	cgc atg agc agc	17017		
	Leu Asn Phe Gln Val Glu	His His Leu Phe Pro	Arg Met Ser Ser			
	1210	1215	1220			
15	gct tgg tat ccc tac att	gcc ccc aag gtc cgc	gaa att tgc gcc	17062		
	Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile	Ala Pro Lys Val Arg	Glu Ile Cys Ala			
	1225	1230	1235			
20	aaa cac ggc gtc cac tac	gcc tac tac ccg tgg	atc cac caa aac	17107		
	Lys His Gly Val His Tyr	Ala Tyr Tyr Pro Trp	Ile His Gln Asn			
	1240	1245	1250			
	ttt ctc tcc acc gtc cgc	tac atg cac gcg gcc	ggg acc ggt gcc	17152		
	Phe Leu Ser Thr Val Arg	Tyr Met His Ala Ala	Gly Thr Gly Ala			
25	1255	1260	1265			
	aac tgg cgc cag atg gcc	aga gaa aat ccc ttg	acc gga cgg gcg	17197		
	Asn Trp Arg Gln Met Ala	Arg Glu Asn Pro Leu	Thr Gly Arg Ala			
	1270	1275	1280			
30	taa agatctgccg gcatcgatcc	cgggccatgg cctgctttaa	tgagatatgc	17250		
	gagacgccta tgatcgcatg	atatttgctt tcaattctgt	tgtgcacgtt gtaaaaaacc	17310		
35	tgagcatgtg tagctcagat	ccttaccgcc ggtttcgggtt	cattctaattg aatatatcac	17370		
	ccgttactat cgtattttta	tgaataatat tctccgttca	atttactgat tgtccgtcga	17430		
40	cgagctcggc gcgcctctag	aggatcgatg aattcagatc	ggctgagtgg ctccttcaac	17490		
	gttgcggttc tgatcattcc	aaacgtaaaa cggcttgtcc	cgcgtcatcg gcgggggtca	17550		
	taacgtgact cccttaattc	tccgctcatg atcagattgt	cgtttcccgc cttcagttta	17610		
45	aactatcagt gtttgacagg	atatattggc gggtaaacct	aagagaaaag agcgtttatt	17670		
	agaataatcg gatatttaaa	agggcgtgaa aaggtttatc	cttcgtccat ttgtatgtgc	17730		
50	atgccaacca cagggttccc	ca		17752		
	<210> 20					
	<211> 290					
	<212> PRT					
55	<213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens					
	<400> 20					
60	Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser					
	1	5	10	15		

## 46

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
 20 25 30

5 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
 35 40 45

10 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
 50 55 60

15 Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
 65 70 75 80

20 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
 85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
 100 105 110

25 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
 115 120 125

30 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
 130 135 140

35 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
 145 150 155 160

40 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
 165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
 180 185 190

45 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
 195 200 205

50 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
 210 215 220

55 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
 225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
 245 250 255

60 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
 260 265 270

5 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
275 280 285

Thr Glu  
290

10

<210> 21  
<211> 525  
<212> PRT  
<213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens

15

<400> 21

20 Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn  
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe  
20 25 30

25

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln  
35 40 45

30

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala  
50 55 60

35

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly  
65 70 75 80

40 Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg  
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val  
100 105 110

45

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr  
115 120 125

50

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser  
130 135 140

55

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala  
145 150 155 160

60

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu  
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg



48

180

185

190

5 Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
195 200 205

10 Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
225 230 235 240

15 Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
245 250 255

20 Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly  
260 265 270

25 Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys  
275 280 285

30 Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr  
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp  
305 310 315 320

35 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile  
325 330 335

40 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg  
340 345 350

45 Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu  
355 360 365

50 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr  
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro  
385 390 395 400

55 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly  
405 410 415

60 Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser  
420 425 430

49

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly  
435 440 445

5 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
450 455 460

10 His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
465 470 475 480

15 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp  
485 490 495

20 Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu  
500 505 510

25 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
515 520 525

<210> 22  
<211> 469  
<212> PRT  
<213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens

30 <400> 22

35 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val  
1 5 10 15

40 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser  
20 25 30

45 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr  
35 40 45

50 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe  
50 55 60

55 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His  
65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp  
85 90 95

60 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys  
100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
115 120 125

## 50

5 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu  
130 135 140

10 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala  
145 150 155 160

15 Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala  
165 170 175

20 Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly  
180 185 190

25 Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln  
195 200 205

30 His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp  
210 215 220

35 Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp  
225 230 235 240

40 His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met  
245 250 255

45 Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile  
260 265 270

50 Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp  
275 280 285

55 Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala  
290 295 300

60 Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly  
305 310 315 320

65 Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val  
325 330 335

70 Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe  
340 345 350

75 Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu  
355 360 365

## 51

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly  
 370 375 380

5 Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu  
 385 390 395 400

10 His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala  
 405 410 415

15 Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr  
 420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His  
 435 440 445

20 Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro  
 450 455 460

25 Leu Thr Gly Arg Ala  
 465

30 <210> 23  
 <211> 26  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence

35 <400> 23  
 gaattcggcg cgccgagctc ctcgag

26

40 <210> 24  
 <211> 265  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence

45 <400> 24  
 ccaccgcggt gggcgccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgctttaatg agatatgcga 60

gacgcctatg atcgcatgat atttgctttc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120

agcatgtgta gtcagatcc ttaccgccgg ttctggttca ttctaataa tatatcaccc 180

50 gttactatcg tatttttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgacg 240

aattcgagct cggcgcgcca agctt 265

55 <210> 25  
 <211> 257  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence

60 <400> 25  
 ggatccgata tcgggcccgc tagcggttaac cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60

## 52

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120  
tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaattg aatatatcac ccgttactat 180  
5 cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240  
ctcggcgcgc caagctt 257

10 <210> 26  
<211> 5410  
<212> DNA  
<213> artificial sequence

15 <400> 26  
ttttggaaat gatttgcatg gaagccatgt gtaaaacccat gacatccact tggaggatgc 60  
aataatgaag aaaactacaa atttaccatgc aactagttat gcatgtagtc tatataatga 120  
20 ggattttgca atactttcat tcatacacac tactaagtt ttacacgatt ataatttctt 180  
catagccagc ggatccgata tcggggccgc tagcggttaac cctgctttaa tgagatatgc 240  
gagacgccta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc 300  
25 tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaattg aatatatcac 360  
ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 420  
30 gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480  
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataaacacct 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600  
35 tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660  
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgagga ttaattgtt 720  
40 gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840  
45 agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900  
ttaaaaaat tttggaaatg atttgcattg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
ggaggatgca ataataaga aaactacaaa tttaccatgca actagttatg catgtagtct 1020  
50 atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
taattttctt atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140  
gagatatgag agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200  
55 taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcgggtt attctaattga 1260  
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1320  
60 gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggatcatagc tgtttcctgt 1380  
gtgaaattgt tatccgtcga caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440

agcctggggt gcctaagtag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgccccgc 1500  
5 tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag 1560  
aggcgggttg cgtattgggc gctcttccgc ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggc 1620  
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggc tatccacaga 1680  
10 atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaaggc cagcaaaaagg ccaggaaccg 1740  
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcacia 1800  
15 aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt 1860  
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct 1920  
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980  
20 cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040  
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtc aaccggtaa gacacgactt 2100  
25 atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtg 2160  
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220  
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt gtagctctt gatccggcaa 2280  
30 acaaaccacc gctggtagcg gtgggttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa 2340  
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaaaga 2400  
35 aaactcacgt taagggattt tggcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460  
tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataat ctaaaagtata tatgagtaaa cttggtctga 2520  
cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcggttcac 2580  
40 catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggagggc taccatctgg 2640  
ccccagtgtc gcaatgatac cgcgagaccc acgctcaccg gctccagatt tatcagcaat 2700  
45 aaaccagcca gccggaaggc cgcgagcagc aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760  
ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820  
caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880  
50 attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940  
agcgggttagc tccttcgggc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc 3000  
55 actcatgggt atggcagcac tgcataatc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060  
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120  
ttgctcttgc ccggcgctcaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180  
60 gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240  
atccagttcg atgtaacca ctctgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300

5 cagcgtttct ggggtgagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360  
gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cctttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420  
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480  
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540  
10 gacattaacc tataaaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtctcgcgc gtttcgggtga 3600  
tgacggtgaa aacctctgac acatgcagct cccggagacg gtcacagctt gtctgtaagc 3660  
ggatgccggg agcagacaag cccgtcaggg cgcgtcagcg ggtgttggcg ggtgtcgggg 3720  
15 ctggcttaac tatgcggcat cagagcagat tgtactgaga gtgcaccata tgcggtgtga 3780  
aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 3840  
20 gcgcaactgt tgggaagggc gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 3900  
agggggatgt gctgcaaggc gattaagtgt ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 3960  
25 ttgtaaaacg acggccagtg aattcggcgc gccgagctcc tcgagcaaatt ttacacattg 4020  
ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg 4080  
at ttgcgata aatttttata tttggtacta aattttataac accttttatg ctaacgtttg 4140  
30 ccaacactta gcaatttgca agttgattaa ttgattctaa attatttttg tcttctaaat 4200  
acataacta atcaactgga aatgtaaata tttgctaata tttctactat aggagaatta 4260  
aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg gagatttaatt tgttgcaatg ctgcatggat 4320  
35 ggcataata ccaaacattc aataattctt gaggataata atgggtaccac acaagatttg 4380  
aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaagggt ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc 4440  
40 acacacaagt tttgaggtgc atgcatggat gccctgtgga aagtttataa atatttttga 4500  
aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac catgacatcc acttgaggga tgcaataatg 4560  
45 aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt 4620  
gcaatacttt cattcataca cactcactaa gttttacacg attataattt cttcatagcc 4680  
agcccaccgc ggtggggcgc cgctgcagt ctagaaggcc tcctgcttta atgagatatg 4740  
50 cgagacgcct atgatcgcat gatatttgct ttcaattctg ttgtgcacgt tgtaaaaaaac 4800  
ctgagcatgt gtagctcaga tccttaccgc cggtttcggt tcattctaatt gaatatatca 4860  
cccgttacta tcgtattttt atgaataata ttctccgttc aatttactga ttgtccgtcg 4920  
55 agcaaattha cacattgcca ctaaacgtct aaacccttgt aatttggtttt tgttttacta 4980  
tgtgtgttat gtatttgatt tgcgataaat ttttatattt ggtactaaat ttataacacc 5040  
60 ttttatgcta acgtttgcca aacttagca atttgcaagt tgattaattg attctaaatt 5100  
at ttttgtct tctaataaca tataactaat aactggaaat gtaaataatt gctaataatt 5160

ctactatagg agaattaaag tgagtgaata tgggtaccaca aggtttggag atttaattgt 5220  
5 tgcaatgctg catggatggc atatacacca aacattcaat aattcttgag gataataatg 5280  
gtaccacaca agatttgagg tgcataaacg tcacgtggac aaaaggttta gtaatttttc 5340  
aagacaacaa tgttaccaca cacaagtttt gaggtgcatg catggatgcc ctgtggaaag 5400  
10 tttaaaaata 5410

<210> 27  
<211> 12093  
15 <212> DNA  
<213> artificial sequence

<400> 27  
20 gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120  
tagtgggcgg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
25 ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaaa gtgtcaagca 360  
30 tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480  
35 tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
40 ccggcacgcg accggggcga ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccc tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
45 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgttc gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
50 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
55 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccg ctagggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgcttc tggcgctctt ccgcttctc 1200  
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaaa 1260  
60 ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320



## 56

agggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccct gacgagcatc acaaaaaatcg acgctcaagt cagagggtggc gaaacccgac 1440  
5 aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc ctcggtcgct ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
10 ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccaccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
15 ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800  
ctaccgccg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
20 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcgcc ggccggcatg agcctgtcg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c atggcgacc 2040  
25 tgggccgcct gggcgccctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggtcat gatggcgctg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
30 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaa cagctccca tcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgagg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
35 gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
40 cctcgcgaa aacttgccc tctactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactcacc ggccggcgct tgacagatga gggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaa tcggcgaaa cgctgattt tacgagagtt tccacagat 2640  
45 gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgagg ggcgactac 2700  
tgacagatga gggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
50 ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaacctgttt ttaaccagg gctgcgccct gtgcgctga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
55 tgccccct tctgaaccc tccggcccg ctaacgggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
tgcgccctc ggccggaac ggccctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatgg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
60 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcacgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180

## 57

	gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgctcg ggcattcacg gacttcatgg	3240
	cggggcccgc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg	3300
5	tggtcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag	3360
	gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag	3420
10	ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa	3480
	tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg	3540
	ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact	3600
15	tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata	3660
	attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt	3720
20	tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccagg	3780
	gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt	3840
	gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca	3900
25	cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga	3960
	atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc	4020
30	gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac	4080
	tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140
	cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200
35	catatcaatg atttttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260
	ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt	4320
40	acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380
	agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg	4440
	tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500
45	aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560
	cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620
50	taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680
	gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa	4740
	aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800
55	gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaagggt cctgcacttt	4860
	gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920
60	gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980
	aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040

## 58

ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160  
5 cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
10 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
15 caccgacttc ttccgcatca agtgttttgg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tgcgtggtat tgcgtcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
20 cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
cccgaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
25 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
gccccgcgaa accttcagc cgcgcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
30 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
35 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
40 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggctattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactgggtg ggcagcagg gtgtggagtac gcgaagcgca ccctatcgg 6360  
45 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggg cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
50 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tgcgtcgtct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgcgcac 6660  
55 ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
aaccttcgc ctcatgtcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
60 cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctgggt gaacacgcct gggtaaatga 6840  
tgacctgggt cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900

## 59

agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcggggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
5 ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140  
10 cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
15 ggggtcgccg gtatgtgtc gcgggcggtt ccggcggtt tattgtcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tccctcggcgc acttaatat 7440  
20 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcggggcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcatct ctgccgtct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcggaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620  
25 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740  
30 acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttccct tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
35 acagtgtttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040  
40 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttcctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtcc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
45 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
50 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggtc gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
55 gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
60 gcaggcgaat atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760

## 60

	gaacgtggac	tccaacgtca	aagggcgaaa	aaccgtctat	cagggcgatg	gcccactacg	8820
	tgaaccatca	cccaaataca	gttttttggg	gtcgaggtgc	cgtaaagcac	taaatcggaa	8880
5	ccctaaaggg	agccccgat	ttagagcttg	acgggggaaag	ccggcgaaacg	tggcgagaaa	8940
	ggaaggggag	aaagcgaaag	gagcggggcg	cattcaggct	gcgcaactgt	tgggaagggc	9000
10	gatcgggtgcg	ggcctcttcg	ctattacgcc	agctggcgaa	aggggggatgt	gctgcaaggc	9060
	gattaagttg	ggtaacgcca	gggtttttccc	agtcacgacg	ttgtaaaacg	acggccagtg	9120
	aattaattcc	catcttgaaa	gaaatatagt	ttaaatattt	attgataaaa	taacaagtca	9180
15	ggtattatag	tccaagcaaa	aacataaatt	tattgatgca	agtttaaatt	cagaaatatt	9240
	tcaataactg	attatatcag	ctgggtacatt	gccgtagatg	aaagactgag	tgcgatatta	9300
20	tgtgtaatac	ataaattgat	gatatagcta	gcttagctca	tcgggggatc	cgtcgaagct	9360
	agcttgggtc	ccgctcagaa	gaactcgtca	agaaggcgat	agaaggcgat	gcgctgcgaa	9420
	tcgggagcgg	cgataccgta	aagcacgagg	aagcggtcag	cccattcgcc	gccaaagctct	9480
25	tcagcaatat	cacgggtagc	caacgctatg	tcctgatagc	ggtccgccac	accagccgg	9540
	ccacagtcga	tgaatccaga	aaagcggcca	ttttccacca	tgatattcgg	caagcaggca	9600
30	tcgccatggg	tcacgacgag	atcctcgccg	tcgggcatgc	gcgccttgag	cctggcgaaac	9660
	agttcggctg	gcgcgagccc	ctgatgctct	tcgtccagat	catcctgatc	gacaagaccg	9720
	gcttccatcc	gagtacgtgc	tcgctcgatg	cgatgtttcg	cttgggtggc	gaatgggcag	9780
35	gtagccggat	caagcgtatg	cagccgccgc	attgcatcag	ccatgatgga	tactttctcg	9840
	gcaggagcaa	ggtgagatga	caggagatcc	tgccccggca	cttcgccccaa	tagcagccag	9900
40	tcccttcccc	cttcagtgc	aacgtcgagc	acagctgcgc	aaggaacgcc	cgctcgtggcc	9960
	agccacgata	gccgcgctgc	ctcgtcctgc	agttcattca	gggcaccgga	caggctcggc	10020
	ttgacaaaaa	gaaccgggcg	cccctgcgct	gacagccgga	acacggcggc	atcagagcag	10080
45	ccgattgtct	gttgtgcca	gtcatagccg	aatagcctct	ccaccaagc	ggccggagaa	10140
	cctgcgtgca	atccatcttg	ttcaatccaa	gtcccatgg	gcctcgcact	agagtcgaga	10200
50	tctggattga	gagtgaatat	gagactctaa	ttggataccg	aggggaattt	atggaacgtc	10260
	agtgagcat	ttttgacaag	aaatatctgc	tagctgatag	tgaccttagg	cgacttttga	10320
	acgcgcaata	atggtttctg	acgtatgtgc	ttagctcatt	aaactccaga	aaccgcggc	10380
55	tgagtggctc	cttcaacggt	gcggttctgt	cagttccaaa	cgtaaaacgg	cttgtccccg	10440
	gtcatcggcg	ggggtcataa	cgtgactccc	ttaattctcc	gctcatgatc	ttgatccct	10500
60	gcgccatcag	atccttggcg	gcaagaaagc	catccagttt	actttgcagg	gcttcccaac	10560
	cttaccagag	ggcgccccag	ctggcaattc	cggttcgctt	gctgtccata	aaaccgcca	10620

## 61

gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
5 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800  
gcggtgaagct tgcattgctg caggctcgacg gcgcgccgag ctctctgagc aaattttacac 10860  
10 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacy 10980  
tttgccaaca ctttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt cttaaattatt tttgtcttct 11040  
15 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
20 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatatatt 11340  
25 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
30 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
agccagccca ccgcggtggg cgcccgctg cagtctagaa ggccctcctgc tttaatgaga 11580  
tatgcgagac gcctatgac gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
35 aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
40 gtcgacgaat tcgagctcgg ccgcctcta gaggatcgat gaattcagat cggctgagtg 11820  
gtccttcaa cggtgcgggt ctgtcagttc caaacgtaaa acggcttgtc ccgcgtcatc 11880  
ggcggggggtc ataacgtgac tcccttaatt ctccgctcat gatcagattg tcgtttcccg 11940  
45 ccttcagttt aaactatcag tgtttgacag gatataattgg cgggtaaacc taagagaaaa 12000  
gagcgtttat tagaataatc ggatatttaa aagggcgtga aaaggtttat ccttcgtcca 12060  
50 tttgtatgtg catgccaacc acagggttcc cca 12093

&lt;210&gt; 28

&lt;211&gt; 12085

&lt;212&gt; DNA

55 &lt;213&gt; artificial sequence

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

60 <223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer Promotor-Terminator-Expr  
essionskassette

62

&lt;400&gt; 28

	gatctggcgc	cggccagcga	gacgagcaag	attggccgcc	gcccgaacg	atccgacagc	60
5	gcgcccagca	caggtgcgca	ggcaaattgc	accaacgcat	acagcgccag	cagaatgcca	120
	tagtgggcgg	tgacgtcggt	cgagtgaacc	agatcgcgca	ggaggcccg	cagcaccggc	180
	ataatcaggc	cgatgccgac	agcgtcgagc	gcgacagtgc	tcagaattac	gatcaggggt	240
10	atgttgggtt	tcacgtctgg	cctccggacc	agcctccgct	ggtccgattg	aacgcgcgga	300
	ttctttatca	ctgataagtt	ggtggacata	ttatgtttat	cagtataaaa	gtgtcaagca	360
	tgacaaagtt	gcagccgaat	acagtgatcc	gtgccgccct	ggacctgttg	aacgaggtcg	420
15	gcgtagacgg	tctgacgaca	cgcaaactgg	cggaaacggt	gggggttcag	cagccggcgc	480
	tttactggca	cttcaggaac	aagcgggcgc	tgctcgacgc	actggccgaa	gccatgctgg	540
20	cggagaatca	tacgcattcg	gtgccgagag	ccgacgacga	ctggcgctca	tttctgatcg	600
	ggaatgccc	cagcttcagg	caggcgctgc	tcgcctaccg	cgatggcgcg	cgcattccatg	660
25	ccggcacgcg	accgggcgca	ccgcagatgg	aaacggccga	cgcgcagctt	cgcttctctt	720
	gcgaggcggg	tttttcggcc	ggggacgccg	tcaatgcgct	gatgacaatc	agctacttca	780
	ctgttggggc	cgtgcttgag	gagcaggccg	gcgacagcga	tgccggcgag	cgcggcggca	840
30	ccgttgaaca	ggctccgctc	tcgccgctgt	tgccggccgc	gatagacgcc	ttcgacgaag	900
	ccggtccgga	cgcagcgttc	gagcaggggac	tcgcggtgat	tgtcgatgga	ttggcgaaaa	960
	ggaggctcgt	tgtcaggaac	gttgaaggac	cgagaaaggg	tgacgattga	tcaggaccgc	1020
35	tgccggagcg	caaccactc	actacagcag	agccatgtag	acaacatccc	ctcccccttt	1080
	ccaccgcgtc	agacgcccgt	agcagcccgc	tacgggcttt	ttcatgccct	gccctagcgt	1140
40	ccaagcctca	cggccgcgct	cggcctctct	ggcggccttc	tggcgctctt	ccgcttcttc	1200
	gctcactgac	tcgctgcgct	cggctcgttcg	gctgcggcga	gcggtatcag	ctcactcaaa	1260
45	ggcggtaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	ggaaagaaca	tgtgagcaaa	1320
	aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcgttg	ctggcgtttt	tccataggct	1380
	ccgccccct	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgtcaagt	cagaggtggc	gaaacccgac	1440
50	aggactataa	agataccagg	cgtttcccc	tggaagctcc	ctcgtgcgct	ctcctgttcc	1500
	gaccctgccg	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctccct	tcgggaagcg	tggcgctttt	1560
55	ccgtgcata	acctgcttc	ggggtcatta	tagcgatttt	ttcggtatat	ccatcctttt	1620
	tcgcacgata	tacaggattt	tgccaaaggg	ttcgtgtaga	ctttccttgg	tgtatccaac	1680
	ggcgtcagcc	gggcaggata	ggtgaagtag	gcccaccgc	gagcgggtgt	tccttcttca	1740
60	ctgtccctta	ttcgcacctg	gcggtgctca	acgggaatcc	tgctctgcga	ggctggccgg	1800
	ctaccgccgg	cgtaacagat	gagggcaagc	ggatggctga	tgaaaccaag	ccaaccagga	1860

agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
5 aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
aatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcac aatggcgacc 2040  
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
10 tcggtgatgc cacgatactc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
15 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgctcacc gggctggttg ccctcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
20 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcggc gttgtggata 2460  
cctcgcggaa aacttgcccc tactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
25 cgactcacc ggcgcgcgct tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
30 tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
35 ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
40 tgcgccccct ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
45 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cgccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
50 tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggt ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
55 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
60 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720



	tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgccccagc cgtgccaggt	3780
5	gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt	3840
	gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcac catatcacca	3900
	cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga	3960
10	atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc	4020
	gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac	4080
15	tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140
	cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccg catccaacgc cattcatggc	4200
	catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260
20	ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt	4320
	acgcaccacc cgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380
25	agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg	4440
	tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500
	aaaagctggt ttctggtatt taagggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560
30	cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620
	taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680
35	gtaaaagata cggaaggaaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740
	aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800
	gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860
40	gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920
	gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980
45	aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040
	ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100
	gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag	5160
50	cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220
	gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280
55	gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg ggaagaaca gtatgtcgag	5340
	ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta	5400
	ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460
60	caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gagggccacg gcaagtattt	5520
	gggcaagggg tcgctggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580

## 65

5 cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc ggggtcaaatac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtagag tcggggcaat 5700  
cccgaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttcgcccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
10 gccccgcgaa accttcacgt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcgggcg ccgtggagcg 5940  
15 ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120  
20 ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
25 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtag gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatac accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
30 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
35 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgacg gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggcccgcagg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgcg tcaagctgga 6720  
40 aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggtcaatga 6840  
45 tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
50 ttgacaattg tgattaagge tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140  
55 cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctt gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctt tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
60 ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440

tcgctattct ggagcttgtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggagg ggtcgcgagg 7500  
5 acggtaggag ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgccgctct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctcggggcgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggag 7680  
10 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagt 7800  
15 tttgatccgc caatcccgat gcttacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tgggtccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc cccagatctg ggtcgatca gccggggatg 7980  
20 catcaggccg acagtcgga cttcgggtcc ccgacctga ccattcgggt agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
25 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
30 tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggctc gggagctgtt ggctggctgg 8460  
35 tggcaggata tattgtgggt taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520  
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
40 tgcccttcac cgctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
45 agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
50 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaag tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcggtgcg ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
55 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
60 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300

tgtgtaatac ataaattgat gatataagcta gcttagctca tcgggggatac cgtcgaagct 9360  
5 agcttggggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcggggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcgggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
10 ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaaac 9660  
15 agttcgggtg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
20 gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcctttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
25 agccacgata gccgcgtgc ctgcctcgtc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgcccc gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
30 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
35 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440  
40 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacgatc ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
45 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
50 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcggca 10800  
gcgtgaagct tgcacgctg caggctgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
55 tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt cttaaattatt tttgtcttct 11040  
60 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160

ggatggcata tacaçcaaaç attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
 5 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
 taccacacac aagtttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatatatt 11340  
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
 10 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataattgagga 11460  
 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagcattata attttctcat 11520  
 15 agccagcgga tccgatatcg ggcccgttag cgttaaccct gctttaatga gatatgagag 11580  
 acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640  
 gcatgtgtag ctcatatcct taccgcccgt ttcggttcat tctaataat ataccaccg 11700  
 20 ttactatcgt atttttatga ataataattt cgtttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760  
 attcgagctc ggccgcgcctc tagaggatcg atgaattcag atcggctgag tggctccttc 11820  
 25 aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg tcccgcgtca tcggcggggg 11880  
 tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat tgctggttcc cgccttcagt 11940  
 ttaaactatc agtgtttgac aggatattt ggccgggtaaa cctaagagaa aagagcggtt 12000  
 30 attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaagggtt atccttcgtc catttgatg 12060  
 tgcattgcaa ccacagggtt ccca 12085  
 35 <210> 29  
 <211> 12079  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence  
 40 <400> 29  
 gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
 gcgcccagca caggtgacga ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120  
 45 tagtgggccc tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180  
 ataatacaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
 50 atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
 ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
 tgacaaagt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
 55 gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480  
 tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
 60 cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
 ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattcatg 660

69

ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
5 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcgggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
10 ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
15 ccaccgctc agacgcccg agcagcccg tcagggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct gggcgccctc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
20 gctcactgac tcgctgcgct cggctcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgctttt tccataggct 1380  
25 ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagagggtggc gaaaccgcgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc ctcgctgcgct ctctgttcc 1500  
30 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
35 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccaccgcg gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
40 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggttaca 1980  
45 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040  
tgggcccgtt gggcgccctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
50 tcggtgatgc cacgatctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggctcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
55 gacttcgcgg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccggc gttgtggata 2460  
60 cctcgcgga aacttggccc tctactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520

## 70

.cgactcaccc ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
5 gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
10 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
15 tgccccccct tctcgaaccc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000  
tgcccccctc ggcgcggaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060  
20 ttgccccgat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240  
25 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
30 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
35 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
40 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
gctgcctcag attcaggta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
45 gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca ggggcagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
50 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgtggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080  
tgccccgctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
55 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
60 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380

## 71

agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
5 aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
10 taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
15 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cttttgctcg 4920  
20 gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
25 gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
30 gacattgcct tctgcgtccg gtogatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTa 5400  
35 ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTtg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
40 gggcaagggg tcgctggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
45 cccgcaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
50 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
55 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
60 ttcttTgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc gcgaggcgcg tgcaaaacaa 6240



## 72

	ggtcattttc cactgcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctcg agctgcgggc	6300
	cgacgatgac gaactgggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg	6360
5	cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg	6420
	ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgcta caggcgacgg cgatgggctt	6480
10	cacgtccgac cgcggtgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct	6540
	ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600
	gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660
15	ggcccgcgag atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga	6720
	aaccttccgc ctcatgtgct gatcggatc caccgcgctg aagaagtggc gcgagcaggt	6780
20	cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga	6840
	tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc	6900
	agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcaact gctcgacgca cttgcttcgc	6960
25	tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020
	ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc	7080
30	cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140
	cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc	7200
	ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacagga ggacggcccc	7260
35	aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320
	ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380
40	cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatt	7440
	tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggccc ggtcgcggcg	7500
	acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgctc gctaggtagc	7560
45	ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggctt ggcgctgttg	7620
	gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggctt ggcgggggcg	7680
50	gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc	7740
	acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttcagc agctttagt	7800
	tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc	7860
55	ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tgggtccggg ggatctcgc actcgaacct	7920
	acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg ggtcgcgatc gccggggatg	7980
60	catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat	8040
	aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag	8100

## 73

	cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatoga cagcctgtca	8160
	cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata	8220
5	tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga	8280
	tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat	8340
10	gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct	8400
	gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctgtt ggctggctgg	8460
	tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg	8520
15	gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat	8580
	tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca	8640
20	gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa	8700
	agaatagccc gagatagggt tgagtgttg tccagtttg aacaagagtc cactattaaa	8760
	gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg	8820
25	tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa	8880
	ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa	8940
30	ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc	9000
	gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060
	gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg	9120
35	aattaattcc catcttgaag gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca	9180
	ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240
40	tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300
	tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggata cgtcgaagct	9360
	agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420
45	tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaactct	9480
	tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540
50	ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttcacca tgatattcgg caagcaggca	9600
	tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660
	agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg	9720
55	gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780
	gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840
60	gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900
	tccttccccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc	9960

## 74

agccacgata gccgcgctgc ctgcgtcctgc agttcattca gggcaccgga cagggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
5 ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
10 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcgggc 10380  
15 tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtccgc 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
20 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgcatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
25 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gcttcttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800  
gcgtaagct tgcattgctg caggctgcag gcgcgcgag ctctcgagc aaatttacac 10860  
30 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt ttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980  
35 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
40 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
tttgagggtc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
45 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgcctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
50 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520  
agccagcaga tctgccggca tcgatcccg gccatggcct gctttaatga gatatgcgag 11580  
55 acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640  
gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat tctaataaat atatcaccg 11700  
60 ttactatcgt atttttatga ataatttct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760  
gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggc tgagtggctc cttcaacgtt 11820

## 75

gcgggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg c gtcacgaggc ggggtcataa 11880  
cgtgactccc ttaattctcc gctcatgatc agattgtcgt ttccgcctt cagtttaaac 11940  
5 tatcagtgtt tgacaggata tattggcggg taaacctaa agaaaagagc gtttattaga 12000  
ataatcggat atttaaaagg gcgtgaaaag gtttatcctt cgtccatttg tatgtgcatg 12060  
ccaaccacag ggttcccca 12079  
10  
<210> 30  
<211> 13002  
<212> DNA  
15 <213> artificial sequence  
<220>  
<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei Promotor-Terminator-Expre  
ssionskassetten  
20  
<400> 30  
gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
25 gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120  
tagtgggagg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
30 atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
35 gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcgggagc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
40 cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
45 ccggcacgcg accgggagca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttctct 720  
gcgaggcggg tttttcgcc ggggacgccg tcaatgcgt gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
50 ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgttc gagcaggagc tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
55 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140  
60 ccaagcctca cggccgcgt cggcctctct ggccgcttc tggcgctctt ccgcttctc 1200  
gtcactgac tcgctgcgt cggctgcttc gctcgccgca gcggtatcag ctactcaaa 1260

ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
5 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc ctcgtgcgct ctctgtttcc 1500  
10 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
15 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
20 ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
25 agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggttaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcac aatggcgacc 2040  
tgggcccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
30 tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgtaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgtccat caagaagagc 2280  
35 gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgtcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
40 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
cctcgcggaa aacttggccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520  
45 cgactacccc ggcgggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
50 tgacagatga ggggcgcgat cttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
55 ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccccct tctcgaaccc tcccggcccc ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
60 tgcgcccctc ggccgcgaac ggccacccc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120

ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
5 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cgggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
10 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
15 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
20 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
25 gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
30 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgatcatcgc gtaaaacagc cagcgtggtc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
35 cgtgttgagg ccaacgcccc taatgcgggc tgttgccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
40 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtg ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
45 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagtctgt 4560  
50 cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaatggcta aaatgagaat atcaccgga ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
55 gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aagggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaagggt cctgcacttt 4860  
60 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980

aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
5 ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
10 gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTta 5400  
15 ctggatgaat tgtTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcacatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
20 gggcaagggg tcgctggat tctgtcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcac tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
25 ggcaccaggc ggggtcaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtag tgggggcaat 5700  
cccgaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
30 gccccgcgaa accttcagc ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacgcggcg ccgtggagcg 5940  
35 ttgcgctcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggctag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120  
40 ttctttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
45 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgac accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
50 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
55 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgcgcgac 6660  
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720  
60 aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg .gaacacgcct ggggtcaatga 6840

tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
5 agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
10 cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
15 ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
20 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggctcgggcg 7500  
25 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgccgctct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgccggcgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggcg 7680  
30 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agctttagt 7800  
35 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tgggtccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980  
40 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttcctcag 8100  
45 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
50 tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
55 gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggctc gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
60 tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700



agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
5 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acgggggaaag ccggcgaaacg tggcgagaaa 8940  
10 ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
15 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaattattt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
20 tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
25 agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
30 ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaa 9660  
35 agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
40 gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaaagcc cgtcgtggcc 9960  
45 agccacgata gccgcgctgc ctgcctgc agttcattca gggcacccgga caggtcggct 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
50 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
55 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440  
60 gtcacgcggc ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacgatc ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcccc 10620  
5 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800  
10 gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgccgag ctccctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
15 tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
20 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
25 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
30 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
agccagcccc cgcgggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580  
35 tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgccggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
40 atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaaccc ttgtaatttg tttttgtttt 11820  
45 actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttggtact aaatttataa 11880  
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940  
aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000  
50 atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060  
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120  
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180  
55 tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240  
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300  
60 cacttggagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360  
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac aactcacta agttttacac 12420

gattataatt tcttcatagc cagcgggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480  
 5 ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540  
 cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccggtttc ggttcattct 12600  
 aatgaatata tcaccggtta ctatcgattt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660  
 10 tgattgtccg tcgacgaatt cgagctcggc gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc 12720  
 ggctgagtgg ctccctcaac gttgcgggtc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgtcc 12780  
 cgcgatcatg gcgggggtca taacgtgact cccttaattc tccgctcatg atcagattgt 12840  
 15 cgtttccgcg cttcagttta aactatcagt gtttgacagg atatattggc gggtaaacct 12900  
 aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg gatatttaaa agggcgtgaa aagggtttatc 12960  
 20 cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca cagggttccc ca 13002

25 <210> 31  
 <211> 13905  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence

30 <220>  
 <223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei Promotor-Terminator-Expres-  
 sionskassetten

<400> 31  
 gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
 35 gcgcccagca cagggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120  
 tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
 40 ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
 atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
 45 ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaaa gtgtcaagca 360  
 tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggctg 420  
 gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc 480  
 50 tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
 cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
 ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattcatg 660  
 55 ccggcacgcg accggggcga ccgagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttctct 720  
 gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
 60 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
 ccgttgaaca ggctccgctc tcgcgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

## 83

ccggtccgga cgcagcgttc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
5 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
10 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggcgcccttc tggcgctctt ccgcttcttc 1200  
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
15 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagagggtggc gaaacccgac 1440  
20 aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc ctcgctgcgt ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
25 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
30 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
35 aggcggcgcc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040  
40 tgggcccgtt gggcgccctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cacgatctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggctcat gatggcggtg gtccgccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
45 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
50 gacgtcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgcgctcga agcgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460  
cctcgcgaa aacttgccc tactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
55 cgactacccc ggccggcggt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
60 gatgtggaca agcctgggga taagtgccct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760

## 84

gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820  
ccgcccgttt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
5 aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000  
10 tgcgcccctc ggccgcgaac ggccctaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgcccggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccggggc agtgagggcg 3180  
15 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
20 tggtcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
25 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
30 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccagggt 3780  
35 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
40 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
45 tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tggtgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
50 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
55 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
60 aaaagctggt ttctgggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620

## 85

	taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680
	gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740
5	aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800
	gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860
10	gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920
	gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980
	aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040
15	ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100
	gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag	5160
20	cccgaagagg aacttgtctt ttcccaacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220
	gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280
	gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340
25	ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaaata ttatatTTTt	5400
	ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460
30	caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt	5520
	gggcaagggg tgcgtggtat tctgtcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580
	cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640
35	ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat	5700
	cccgaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat	5760
40	cgacgcgggg ttttccgccc aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc	5820
	gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga	5880
	gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccgcgc ccatcgcccg ccgtggagcg	5940
45	ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacggc	6000
	aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag	6060
50	cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct	6120
	ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cagatgcga gcgatgccaa acgacacggc	6180
	ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa	6240
55	ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc	6300
	cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg	6360
60	cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg	6420
	ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480

86

	cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct	6540
	ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600
5	gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgcgac	6660
	ggcccgcgac atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga	6720
10	aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt	6780
	cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga	6840
	tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggttca gttccggctg ggggttcagc	6900
15	agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960
	tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgtc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020
20	ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc	7080
	cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140
	cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc	7200
25	ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacagga ggacggcccc	7260
	aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320
30	ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380
	cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatt	7440
	tcgctattct ggagcttgtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg	7500
35	acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgctc gctaggtagc	7560
	ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg	7620
40	gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggcg	7680
	gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc	7740
	acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg	7800
45	tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc	7860
	ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct	7920
50	acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg	7980
	catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat	8040
	aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttctcag	8100
55	cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca	8160
	cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata	8220
60	tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga	8280
	tcacccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat	8340

87

gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
5 tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
10 tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
15 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
20 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaac tggcgagaaa 8940  
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa aggggggatgt gctgcaaggc 9060  
25 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
30 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
35 agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcggggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
40 tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660  
45 agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
50 gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
55 agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacgggggc atcagagcag 10080  
60 ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200



88

tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
5 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440  
10 gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcctgatc ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
15 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800  
20 gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgcgag ctctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
25 tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacacctt tatgctaacy 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
30 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
35 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaacctgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
40 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataagagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520  
45 agccagcca ccgcggtggg cgccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580  
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
50 atcaccggtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
gtcgagcaaa ttacacatt gccactaaac gtctaaaccc ttgtaatttg ttttgtttt 11820  
55 actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttgggtact aaatttataa 11880  
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940  
aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000  
60 atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaaggttt ggagatttaa 12060

## 89

ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120  
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180  
5 tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgagggtg catgcatgga tgcctgtgtg 12240  
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300  
10 cacttgaggg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360  
agtctatata atgaggattt tgcaataactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420  
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480  
15 ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540  
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccggttc ggttcattct 12600  
aatgaatata tcaccggtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660  
20 tgattgtccg tcgagcaaatt ttacacattg ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720  
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aatttttata tttggtacta 12780  
25 aatttataac accttttatg ctaacgtttg ccaacactta gcaatttgca agttgattaa 12840  
ttgattctaa attatttttg tcttctaaat acatatacta atcaactgga aatgtaaata 12900  
30 tttgctaata tttctactat aggagaatta aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg 12960  
gagatttaat tgttgcaatg ctgcatggat ggcataatac ccaaacattc aataattctt 13020  
gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt 13080  
35 ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc acacacaagt tttgagggtg atgcatggat 13140  
gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac 13200  
catgacatcc acttgaggga tgcaataatg aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt 13260  
40 tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcataca cactcactaa 13320  
gttttacacg attataattt ctcatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccgggcca 13380  
45 tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttg ctttcaattc 13440  
tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgtagctca gatccttacc gccggttcg 13500  
gttcattcta atgaatatat caccggttac tatcgtattt ttatgaataa tattctccgt 13560  
50 tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggcgcgcctc tagaggatcg atgaattcag 13620  
atcggtgag tggctccttc aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg 13680  
55 tcccgcgtca tcggcggggg tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat 13740  
tgtcgtttcc cgccttcagt ttaaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa 13800  
cctaagagaa aagagcgttt attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaaggttt 13860  
60 atccttcgtc catttgtatg tgcatgccaa ccacaggggt ccca 13905

90

<210> 32  
 <211> 1443  
 <212> DNA  
 5 <213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>  
 <221> CDS  
 10 <222> (9)..(1442)  
 <223>

<400> 32  
 15 gatctaaa atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg 50  
     Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr  
     1                    5                    10

20 gcg gct cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg 98  
     Ala Ala Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro  
     15                    20                    25                    30

25 gag gac gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac 146  
     Glu Asp Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn  
                     35                    40                    45

30 tgg cac gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac 194  
     Trp His Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp  
                     50                    55                    60

35 gac atg acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg 242  
     Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser  
                     65                    70                    75

40 ctc atg aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc 290  
     Leu Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly  
                     80                    85                    90

45 aag gag ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc 338  
     Lys Glu Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg  
     95                    100                    105                    110

50 tcc aaa ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac 386  
     Ser Lys Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr  
                     115                    120                    125

55 gtc tac aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct 434  
     Val Tyr Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala  
                     130                    135                    140

60 ctc gtc ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc 482  
     Leu Val Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val  
                     145                    150                    155

65 atg ctg gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt 530  
     Met Leu Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe  
                     160                    165                    170

70 ctg cac cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga 578  
     Leu His His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly  
     175                    180                    185                    190

ctc ttt tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa 626

## 91

	Leu Phe Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys	
	195 200 205	
5	aac aag cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser	674
	210 215 220	
10	gca gtc gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc Ala Val Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu	722
	225 230 235	
15	gcc tgg tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac Ala Trp Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp	770
	240 245 250	
20	gga aag gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac Gly Lys Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr	818
	255 260 265 270	
25	ttt tac ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu	866
	275 280 285	
30	tcc ttc aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct Ser Phe Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala	914
	290 295 300	
35	ctc gaa ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct Leu Glu Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala	962
	305 310 315	
40	ggc atc ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt Gly Ile Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe	1010
	320 325 330	
45	gga cgc ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc Gly Arg Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr	1058
	335 340 345 350	
50	gcg tcc tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac Ala Ser Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn	1106
	355 360 365	
55	ggc atg gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc Gly Met Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu	1154
	370 375 380	
60	caa gtc acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa Gln Val Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln	1202
	385 390 395	
65	gcc ttt gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac Ala Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His	1250
	400 405 410	
70	cac tta ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca His Leu Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala	1298
	415 420 425 430	
75	ctg gtc gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala	1346
	435 440 445	

## 92

gac ctt gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg 1394  
 Asp Leu Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val  
 450 455 460

5

gcc ggc gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa a 1443  
 Ala Gly Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met  
 465 470 475

10

<210> 33  
 <211> 477  
 <212> PRT  
 <213> Phaeodactylum tricornutum

15

<400> 33

20

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala  
 1 5 10 15

25

Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp  
 20 25 30

30

Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His  
 35 40 45

35

Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met  
 50 55 60

40

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met  
 65 70 75 80

45

Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu  
 85 90 95

50

Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys  
 100 105 110

55

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr  
 115 120 125

60

Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Cys Ala Leu Val  
 130 135 140

Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu  
 145 150 155 160

Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His  
 165 170 175

His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe

93

180

185

190

5 Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys  
195 200 205

10 His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val  
210 215 220

15 Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp  
225 230 235 240

Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys  
245 250 255

20 Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr  
260 265 270

25 Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe  
275 280 285

30 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu  
290 295 300

35 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile  
305 310 315 320

Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg  
325 330 335

40 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser  
340 345 350

45 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met  
355 360 365

50 Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val  
370 375 380

Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe  
385 390 395 400

55 Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu  
405 410 415

60 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val  
420 425 430

94

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu  
 435 440 445

5

Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly  
 450 455 460

10

Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met  
 465 470 475

15

<210> 34  
 <211> 17061  
 <212> DNA  
 <213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens, Caenorhabditis elegans

20

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (4554)..(5987)  
 <223>

25

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (2805)..(3653)  
 <223>

30

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1026)..(1898)  
 <223>

35

<400> 34  
 40 tggggaaccc tgtggttggc atgcacatac aaatggacga aggataaacc ttttcacgcc 60  
 cttttaaata tccgattatt ctaataaacg ctcttttctc ttaggtttac ccgccaatat 120  
 atcctgtcaa aactgatag tttaaactga aggcgggaaa cgacaatctg atcatgagcg 180  
 45 gagaattaag ggagtcacgt tatgaccccc gccgatgacg cgggacaagc cgtttttacgt 240  
 ttggaactga cagaaccgca acgttgaagg agccactcag ccgatctgaa ttcacgatc 300  
 ctctagaggc gcgccgagct cctcgagcaa atttacacat tgccactaaa cgtctaaacc 360  
 50 cttgtaattt gtttttgttt tactatgtgt gttatgtatt tgatttgca taaattttta 420  
 tatttggtac taaatttata acacctttta tgctaacggt tgccaacact tagcaatttg 480  
 55 caagttgatt aattgattct aaattatttt tgtcttctaa atacatatac taatcaactg 540  
 gaaatgtaaa tatttgctaa tattttctact ataggagaat taaagtgagt gaatatggta 600  
 60 ccacaagggt tggagattta attgttgcaa tgctgcatgg atggcatata caccaaact 660  
 tcaataattc ttgaggataa taatgggtacc acacaagatt tgaggtgcat gaacgtcacg 720

95

	tggacaaaag gtttagtaat ttttcaagac aacaatgtta ccacacacaa gttttgaggt	780
	gcatgcatgg atgccctgtg gaaagtttaa aaatatatttg gaaatgattt gcatggaagc	840
5	catgtgtaaa accatgacat ccacttggag gatgcaataa tgaagaaaac tacaaattta	900
	catgcaacta gttatgcatg tagtctatat aatgaggatt ttgcaatact ttcattcata	960
10	cacactcact aagttttaca cgattataat ttcttcatag ccagcccacc gcggtgggcg	1020
	gccgc atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc	1070
	Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val	
	1 5 10 15	
15	tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg	1118
	Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr	
	20 25 30	
20	gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc	1166
	Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro	
	35 40 45	
25	atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt	1214
	Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu	
	50 55 60	
30	ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt	1262
	Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe	
	65 70 75	
35	ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc	1310
	Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu	
	80 85 90 95	
40	agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg	1358
	Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg	
	100 105 110	
45	tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg	1406
	Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala	
	115 120 125	
50	att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat	1454
	Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp	
	130 135 140	
55	acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc	1502
	Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu	
	145 150 155	
60	cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct	1550
	His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala	
	160 165 170 175	
65	cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca	1598
	His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser	
	180 185 190	
70	gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt	1646
	Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu	
	195 200 205	



96

	cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr 210 215 220	1694
5	ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala 225 230 235	1742
10	tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys 240 245 250 255	1790
15	att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe 260 265 270	1838
20	tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala 275 280 285	1886
	aaa act gag tga tctagaaggc ctctgtcttt aatgagatat gcgagacgcc Lys Thr Glu 290	1938
25	tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggttttcgg ttcatctctaa tgaatatatc acccgttact atcgtattttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc gagcaaat	1998 2058 2118
30	acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa ttataaacac cttttatgct	2178 2238
35	aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt tgctaataatt tctactatag	2298 2358
40	gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aagggttgga gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat ggtaccacac	2418 2478
45	aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa gtttaaaaaat	2538 2598
50	attttgaaa tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatttagt ctatataatg	2658 2718
	aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatccgcc cacata atg gag aac ttc tgg tct att gtt gtg Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val 295	2778 2831
55	ttt ttt cta ctc tca att ctc ttc att tta tat aac ata tcg aca gta Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val 300 305 310 315	2879
60	tgc cac tac tat atg cgg att tcg ttt tat tac ttc aca att tta ttg Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu	2927

97

	320	325	330	
5	cat gga atg gaa gtt tgt gtt His Gly Met Glu Val Cys Val 335	aca atg atc cct tct tgg cta aat ggg Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly 340		2975
10	aag ggt gct gat tac gtg ttt Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe 350	cac tcg ttt ttc tat tgg tgt aaa tgg His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp 355		3023
15	act ggt gtt cat aca aca gtc Thr Gly Val His Thr Thr 365	tat gga tat gaa aaa aca caa gtt gaa Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu 370		3071
20	ggt ccg gct gta gtt att tgt aat cat cag agt tct ctc gac att cta Gly Pro Ala Val Val Ile Cys Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu 380			3119
25	tcg atg gca tca atc tgg ccg aag aat tgt gtt gta atg atg aaa cga Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg 400			3167
30	att ctt gcc tat gtt cca ttc ttc aat ctc gga gcc tac ttt tcc aac Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn 415			3215
35	aca atc ttc atc gat cga tat aac cgt gaa cgt gcg atg gct tca gtt Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val 430			3263
40	gat tat tgt gca tct gaa atg aag aac aga aat ctt aaa ctt tgg gta Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val 445			3311
45	ttt ccg gaa gga aca aga aat cgt gaa gga ggg ttc att cca ttc aag Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys 460			3359
50	aaa gga gca ttc aat att gca gtt cgt gcg cag att ccc att att cca Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro 480			3407
55	ggt gta ttc tca gac tat cgg gat ttc tac tca aag cca ggc cga tat Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr 495			3455
60	ttc aag aat gat gga gaa gtt gtt att cga gtt ctg gat gcg att cca Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro 510			3503
65	aca aaa ggg ctc act ctt gat gac gtc agc gag ttg tct gat atg tgt Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys 525			3551
70	cgg gac gtt atg ttg gca gcc tat aag gaa gtt act cta gaa gct cag Arg Asp Val Met Leu Ala Ala Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln 540			3599
75	caa cga aat gcg aca cgg cgt gga gaa aca aaa gac ggg aag aaa tct Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser 560			3647

## 98

gag taa gctagcggtta accctgcttt aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca 3703  
Glu

5 tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag 3763

atccttaccg cgggtttcgg ttcatctctaa tgaatatatc acccgttact atcgtatttt 3823

10 tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc 3883

actaaacgtc taaacccttg taatttggtt ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat 3943

ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa ttataaacac cttttatgct aacgtttgcc 4003

15 aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac 4063

atatactaata caactggaaa tgtaaataatt tgctaataatt tctactatag gagaattaaa 4123

20 gtgagtgaat atggtaccac aagggttgga gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg 4183

catatacacc aacattcaa taattcttga ggataataat ggtaccacac aagatttgag 4243

gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt caagacaaca atgttaccac 4303

25 acacaagttt tgagggtgat gcatggatgc cctgtggaaa gtttaaaaat attttggtgaa 4363

tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac ttggaggatg caataatgaa 4423

30 gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcagttagt ctatataatg aggattttgc 4483

aatactttca ttcatcacaca ctactaagt ttacacgat tataattttct tcatagccag 4543

cagatctaaa atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca 4592  
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser  
575 580 585

acg gcg gct cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct 4640  
Thr Ala Ala Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser  
590 595 600

ccg gag gac gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc 4688  
Pro Glu Asp Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser  
605 610 615

45 aac tgg cac gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt 4736  
Asn Trp His Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly  
620 625 630

50 gac gac atg acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag 4784  
Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln  
635 640 645

55 tcg ctc atg aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc 4832  
Ser Leu Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr  
650 655 660 665

60 ggc aag gag ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg 4880  
Gly Lys Glu Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu  
670 675 680

cgc tcc aaa ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc 4928  
Arg Ser Lys Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe

## 99

	685	690	695	
5	tac gtc tac aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt Tyr Val Tyr Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys 700 705 710			4976
10	gct ctc gtc ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc Ala Leu Val Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala 715 720 725			5024
15	gtc atg ctg gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac Val Met Leu Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp 730 735 740 745			5072
20	ttt ctg cac cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga Phe Leu His His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly 750 755 760			5120
25	gga ctc ttt tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg Gly Leu Phe Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp 765 770 775			5168
30	aaa aac aag cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc Lys Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser 780 785 790			5216
35	tcc gca gtc gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt Ser Ala Val Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu 795 800 805			5264
40	ctc gcc tgg tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc Leu Ala Trp Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala 810 815 820 825			5312
45	gac gga aag gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc Asp Gly Lys Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser 830 835 840			5360
50	tac ttt tac ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac Tyr Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn 845 850 855			5408
55	gag tcc ttc aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct Glu Ser Phe Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala 860 865 870			5456
60	gct ctc gaa ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag Ala Leu Glu Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys 875 880 885			5504
65	gct ggc atc ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc Ala Gly Ile Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly 890 895 900 905			5552
70	ttt gga cgc ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg Phe Gly Arg Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala 910 915 920			5600
75	acc gcg tcc tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac Thr Ala Ser Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His 925 930 935			5648

## 100

	aac ggc atg gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag Asn Gly Met Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys 940 945 950	5696
5	ctc caa gtc acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly His Gly Phe Pro 955 960 965	5744
10	caa gcc ttt gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac Gln Ala Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp 970 975 980 985	5792
15	cac cac tta ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac His His Leu Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His 990 995 1000	5840
20	gca ctg gtc gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac Ala Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His 1005 1010 1015	5885
25	gaa gcc gac ctt gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg Glu Ala Asp Leu Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu 1020 1025 1030	5930
30	ggc agc gtg gcc ggc gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga Gly Ser Val Ala Gly Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly 1035 1040 1045	5975
35	ccc gcc atg taa agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa Pro Ala Met	6027
40	tgagatatgc gagacgcta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaagt aatatatcac ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgagctcggc gcgcccgcga cctgcaggca tgcaagcttc acgctgccgc aagcactcag ggcgcaaggg ctgctaaagg aagcggaaca cgtagaaagc cagtccgcag aaacggtgct gaccccggtat gaatgtcagc tactgggcta tctggacaag ggaaaacgca agcgcaaaga gaaagcaggt agcttgcagt gggcttacat ggcgatagct agactgggcg gttttatgga cagcaagcga accggaattg ccagctgggg cgccctctgg taaggttggg aagccctgca aagtaaactg gatggctttc ttgccgcaa ggatctgatg gcgcagggga tcaagatcat gagcggagaa ttaagggagt cacgttatga ccccgccga tgacgcggga caagccgttt tacgtttgga actgacagaa ccgcaacggt gaaggagcca ctgagccgcg ggtttctgga gtttaatgag ctaagcacat acgtcagaaa ccattattgc gcgttcaaaa gtcgcctaag gtcactatca gctagcaaat atttcttgct aaaaatgctc cactgacgtt ccataaattc ccctcggtat ccaattagag tctcatattc actctcaatc cagatctcga ctctagtcga gggcccatgg gagcttggat tgaacaagat ggattgcacg caggttctcc	6087 6147 6207 6267 6327 6387 6447 6507 6567 6627 6687 6747 6807 6867 6927

## 101

ggccgcttgg gtggagagggc tattcgggcta tgactgggca caacagacaa tcggctgctc 6987  
tgatgccgcc gtgttccggc tgtcagcgca ggggcgcccg gttctttttg tcaagaccga 7047  
5 cctgtccggt gccctgaatg aactgcagga cgaggcagcg cggctatcgt ggctggccac 7107  
gacgggcggt ccttgcgag ctgtgctcga cgttgctact gaagcgggaa gggactggct 7167  
10 gctattgggc gaagtgccgg ggcaggatct cctgtcatct caccttgctc ctgccagaaa 7227  
agtatccatc atggctgatg caatgcggcg gctgcatacg cttgatccgg ctacctgcc 7287  
attcgaccac caagcgaaac atcgcatcga gcgagcacgt actcggatgg aagccgggtct 7347  
15 tgtcgatcag gatgatctgg acgaagagca tcaggggctc gcgccagccg aactgttcgc 7407  
caggctcaag gcgcgcatgc ccgacggcga ggatctcgtc gtgacccatg gcgatgcctg 7467  
20 cttgccgaat atcatgggtgg aaaatggccg cttttctgga ttcatcgact gtggccggct 7527  
gggtgtggcg gaccgctatc aggacatagc gttggctacc cgtgatattg ctgaagagct 7587  
tggcggcgaa tgggctgacc gcttcctcgt gctttacggt atcgccgctc ccgattcgca 7647  
25 gcgcacgcc ttctatgcc ttcttgacga gttcttctga gcgggaccca agctagcttc 7707  
gacggatccc ccgatgagct aagctagcta tatcatcaat ttatgtatta cacataatat 7767  
30 cgcactcagt ctttcatcta cggcaatgta ccagctgata taatcagtta ttgaaatatt 7827  
tctgaattta aacttgcatc aataaattta tgtttttgct tggactataa tacctgactt 7887  
gttattttat caataaatat ttaaaactata tttctttcaa gatgggaatt aattcactgg 7947  
35 ccgtcgtttt acaacgtcgt gactgggaaa accctggcgt taccacactt aatcgccctg 8007  
cagcacatcc ccctttcgcc agctggcgta atagcgaaga ggcccgacc gatcgccctt 8067  
40 cccaacagtt gcgcagcctg aatggcgccc gtccttttcg ctttcttccc ttccctttctc 8127  
gccacgttcg ccggctttcc ccgtcaagct ctaaatcggg ggctcccttt agggttccga 8187  
tttagtgctt tacggcacct cgaccccaaa aaacttgatt tgggtgatgg ttcacgtagt 8247  
45 gggccatcgc cctgatagac ggtttttcgc cctttgacgt tggagtccac gttctttaat 8307  
agtggactct tgttccaaac tggaacaaca ctcaacccta tctcgggcta ttcttttgat 8367  
50 ttataagggg ttttgccgat ttcggaacca ccatcaaaca ggattttcgc ctgctggggc 8427  
aaaccagcgt ggaccgcttg ctgcaactct ctcaggggcca ggcggtgaag ggcaatcagc 8487  
tgttgcccgt ctactggtg aaaagaaaaa ccaccccagt acattaaaaa cgtccgcaat 8547  
55 gtgttattaa gttgtctaag cgtcaatttg tttacaccac aatatatcct gccaccagcc 8607  
agccaacagc tccccgaccg gcagctcggc acaaaatcac cactcgatac aggcagccca 8667  
60 tcagtccggg acggcgctcag cgggagagcc gttgtaaggc ggcagacttt gctcatgtta 8727  
ccgatgctat tcggaagaac ggcaactaag ctgccgggtt tgaaacacgg atgatctcgc 8787

## 102

	ggagggtagc atgttgattg taacgatgac agagcgttgc tgcctgtgat caaatatcat	8847
	ctccctcgca gagatccgaa ttatcagcct tcttattcat ttctcgctta accgtgacag	8907
5	gctgtcgatc ttgagaacta tgccgacata ataggaaatc gctggataaa gccgctgagg	8967
	aagctgagtg gcgctatttc tttagaagtg aacgttgacg atatcaactc ccctatccat	9027
10	tgctcaccga atggtacagg tcggggaccc gaagttccga ctgtcggcct gatgcacccc	9087
	cggctgatcg accccagatc tggggctgag aaagcccagt aaggaaacaa ctgtaggttc	9147
	gagtcgagag atcccccgga accaaaggaa gtaggttaaa cccgctccga tcaggccgag	9207
15	ccacgccagg cggagaacat tggttcctgt aggcacggg attggcggat caaacactaa	9267
	agctactgga acgagcagaa gtcctccggc cgccagttgc caggcggtaa aggtgagcag	9327
20	aggcacggga ggttgccact tgcgggtcag cacggttccg aacgccatgg aaaccgcccc	9387
	cgccaggccc gctgcgacgc cgacaggatc tagcgctgcg tttggtgtca acaccaacag	9447
	cgccacgccc gcagttccgc aaatagcccc caggaccgcc atcaatcgta tcgggctacc	9507
25	tagcagagcg gcagagatga acacgaccat cagcggctgc acagcgcta ccgtcgccgc	9567
	gaccccgccc ggcaggcggg agaccgaaat aaacaacaag ctccagaata gcgaaatatt	9627
30	aagtgcgccg aggatgaaga tgcgcatcca ccagattccc gttggaatct gtcggacgat	9687
	catcacgagc aataaaccg ccggcaacgc ccgcagcagc ataccggcga cccctcggcc	9747
	tcgctgttcg ggctccacga aaacgccgga cagatgcgcc ttgtgagcgt ccttggggcc	9807
35	gtcctcctgt ttgaagaccg acagcccaat gatctcgccg tcgatgtagg cgccgaatgc	9867
	cacggcatct cgcaaccgtt cagcgaacgc ctccatgggc ttttctcct cgtgctcgta	9927
40	aacggacccg aacatctctg gagctttctt cagggccgac aatcggatct cgcggaaatc	9987
	ctgcacgtcg gccgctcaa gccgtcgaat ctgagcctta atcacaattg tcaattttaa	10047
	tcctctgttt atcggcagtt cgtagagcgc gccgtgcgtc ccgagcgata ctgagcgaag	10107
45	caagtgcgtc gagcagtgcc cgcttgttcc tgaaatgcca gtaaagcgt ggctgctgaa	10167
	ccccagccg gaactgacc cacaaggccc tagcgtttgc aatgcaccag gtcacattg	10227
50	accagggcgt gttccaccag gccgctgcct cgcaactctt cgcaggcttc gccgacctgc	10287
	tcgcgccact tcttcacgcg ggtggaatcc gatccgcaca tgaggcggaa ggtttccagc	10347
	ttgagcgggt acggctccc gtgcgagctg aaatagtcga acatccgtcg ggccgtcggc	10407
55	gacagcttgc ggtacttctc ccatatgaat ttcgtgtagt ggtcgccagc aaacagcacg	10467
	acgatttctt cgtcgatcag gacctggcaa cgggacgttt tcttgccacg gtccaggacg	10527
60	cggaagcggg gcagcagcga caccgattcc aggtgcccga cgcggctcga cgtgaagccc	10587
	atcgccgtcg cctgtaggcg cgacaggcat tcctcggcct tcgtgtaata ccggccattg	10647

## 103

atcgaccagc ccaggtcctg gcaaagctcg tagaacgtga aggtgatcgg ctgcccata 10707  
ggggtgcgct tcgcgtactc caacacctgc tgccacacca gtctgtcatc gtcggcccg 10767  
5 agctcgacgc cgggtgtaggt gatcttcacg tccttggtga cgtggaaaat gacctgtgtt 10827  
tgcagcgctt cgcgcgggat tttcttggtg cgcgtggtga acagggcaga gcgggccgtg 10887  
10 tcgtttggca tcgctcgcat cgtgtccggc cacggcgcaa tatcgaacaa ggaaagctgc 10947  
atttccttga tctgctgctt cgtgtgtttc agcaacgcgg cctgcttggc ctgctgacc 11007  
tgttttgcca ggtcctcgcc ggcggttttt cgcttcttgg tcgtcatagt tcctcgctg 11067  
15 tcgatggtca tcgacttcgc caaacctgcc gcctcctggt cgagacgacg cgaacgctcc 11127  
acggcggccg atggcgcggg cagggcaggg ggagccagtt gcacgctgtc ggcctcgatc 11187  
20 ttggccgtag cttgctggac catcgagccg acggactgga aggtttcgcg gggcgcacgc 11247  
atgacggtgc ggcttgcgat ggtttcgga tcctcggcgg aaaacccgc gtcgatcagt 11307  
tcttgctgt atgccttcg gtcaaacgtc cgattcattc accctccttg cgggattgcc 11367  
25 ccgactcacg ccggggcaat gtgcccttat tcctgatttg accgcctgg tgccttggtg 11427  
tccagataat ccaccttacc ggcaatgaag tcggtcccgt agaccgtctg gccgtccttc 11487  
30 tcgtacttgg tattccgaat cttgcctgc acgaatacca gcgaccctt gcccaaatac 11547  
ttgccgtggg cctcggcctg agagccaaaa cacttgatgc ggaagaagtc ggtgcgctcc 11607  
tgcttgcgc cggcacgtt gcgccacatc taggtactaa aacaattcat ccagtaaaat 11667  
35 ataataattt attttctccc aatcaggctt gatccccagt aagtcaaaaa atagctcgac 11727  
atactgttct tccccgatat cctccctgat cgaccggacg cagaaggcaa tgtcatacca 11787  
40 cttgtccgcc ctgcgccttc tccaagatc aataaagcca cttactttgc catctttcac 11847  
aaagatgttg ctgtctccca ggtcgccgtg ggaaaagaca agttcctctt cgggcttttc 11907  
cgtctttaaa aaatcataca gtcgcgcgg atctttaaat ggagtgtctt cttcccagtt 11967  
45 ttogcaatcc acatcgcca gatcgttatt cagtaagtaa tccaattcgg ctaagcggct 12027  
gtctaagcta ttcgtatagg gacaatccga tatgtcgatg gagtgaaga gcctgatgca 12087  
50 ctccgcatac agctcgataa tcttttcagg gctttgttca tottcatact cttccgagca 12147  
aaggacgcca tcggcctcac tcatgagcag attgctccag ccatcatgcc gttcaaagtg 12207  
caggaccttt ggaacaggca gctttccttc cagccatagc atcatgtcct tttcccgctc 12267  
55 cacatcatag gtggtccctt tataccggct gtccgtcatt tttaaatata gggtttcatt 12327  
ttctcccacc agcttatata ccttagcagg agacattcct tcgctatctt ttacgcagcg 12387  
60 gtatttttcg atcagttttt tcaattccgg tgatattctc attttagcca tttattattt 12447  
ccttcctctt ttctacagta tttaaagata cccaagaag ctaattataa caagacgaac 12507



## 104

tccaattcac tgttccttgc attctaaaac cttaaatacc agaaaacagc tttttcaaag 12567  
ttgttttcaa agttggcgta taacatagta tcgacggagc cgattttgaa accacaatta 12627  
5 tgggtgatgc tgccaactta ctgatttagt gtatgatggt gtttttgagg tgctccagtg 12687  
gcttctgtgt ctatcagctg tccctcctgt tcagctactg acggggtggt gcgtaacggc 12747  
10 aaaagcaccg ccggacatca gcgctatctc tgctctcact gccgtaaaac atggcaactg 12807  
cagttcactt acaccgcttc tcaacccggg acgcaccaga aaatcattga tatggccatg 12867  
aatggcggtg gatgccgggc aacagccgc attatgggcg ttggcctcaa cacgatttta 12927  
15 cgtcacttaa aaaactcagg ccgcagtcgg taacctcgcg catacagccg ggtagtgacg 12987  
tcctcgtctg cgcggaaatg gacgaacagt ggggctatgt cggggctaaa tcgcgccagc 13047  
20 gctggctgtt ttacgcgtat gacagtctcc ggaagacggg tggtgcgcac gtattcggtg 13107  
aacgcactat ggcgacgctg gggcgcttta tgagcctgct gtcacccttt gacgtggtga 13167  
tatggatgac ggatggctgg ccgctgtatg aatccgcct gaagggaaag ctgcacgtaa 13227  
25 tcagcaagcg atatacgag cgaattgagc ggcataacct gaatctgagg cagcacctgg 13287  
cacggctggg acggaagtcg ctgtcgttct caaaatcggg ggagctgcat gacaaagtca 13347  
30 tcgggcatta tctgaacata aaacactatc aataagttgg agtcattacc caattatgat 13407  
agaatttaca agctataagg ttattgtcct gggtttcaag cattagtcca tgcaagtttt 13467  
tatgctttgc ccattctata gatattatga taagcgcgct gcctatgcct tgccccctga 13527  
35 aatccttaca tacggcgata tcttctatat aaaagatata ttatcttacc agtattgtca 13587  
atatattcaa ggcaatctgc ctctcatcc tcttcaccc cttcgtcttg gtagcttttt 13647  
40 aaatatggcg ctcatagag taattctgta aaggccaat tctcgttttc atacctcggg 13707  
ataatcttac ctatcacctc aaatggttcg ctgggtttat cgcacccccg aacacgagca 13767  
cggcaccgcg gaccactatg ccaagaatgc ccaaggtaaa aattgccggc cccgccatga 13827  
45 agtcogtgaa tgccccgacg gccgaagtga agggcaggcc gccaccagg ccgcgcct 13887  
cactgccggg cacctggctg ctgaatgtcg atgccagcac ctgcggcacg tcaatgcttc 13947  
50 cgggcgtcgc gctcgggctg atcgcctc ccgttactgc ccgatcccg gcaatggcaa 14007  
ggactgccag cgctgccatt tttgggtga ggccgttcgc ggccgagggg cgcagccct 14067  
ggggggatgg gaggcccgcg ttagcgggcc gggagggttc gagaagggg ggcaccccc 14127  
55 ttcggcgtgc gcggtcacgc gcacagggcg cagccctggt taaaaacaag gtttataaat 14187  
attggtttta aagcaggtta aaagacagg tagcgggtggc cgaaaaacgg gcggaaaccc 14247  
60 ttgcaaatgc tggattttct gcctgtggac agccctcaa atgtcaatag gtgcgcccct 14307  
catctgtcag cactctgccc ctcaagtgtc aaggatcgcg cccctcatct gtcagtagtc 14367

## 105

gcgcccctca agtgtcaata ccgcagggca cttatcccca ggcttgtcca catcatctgt 14427  
gggaaactcg cgtaaaatca ggcgttttcg ccgattttcg aggctggcca gctccacgtc 14487  
5 gccggccgaa atcgagcctg cccctcatct gtcaacgcgc cgccgggtga gtcggcccct 14547  
caagtgtcaa cgtccgcccc tcatctgtca gtgagggcca agttttccgc gaggtatcca 14607  
10 caacgccggc ggccgcggtg tctcgacac ggcttcgacg gcgtttctgg cgcgtttgca 14667  
gggccataga cggccgccag ccacagcgcg agggcaacca gcccggtgag cgtcgcaaag 14727  
gcgctcggtc ttgccttgct cgtcgggtgat gtacttcacc agctccgcga agtcgctctt 14787  
15 cttgatggag cgcattggga cgtgcttggc aatcacgcgc acccccggc cgttttagcg 14847  
gctaaaaaag tcatggctct gccctcgggc ggaccacgcc catcatgacc ttgccaagct 14907  
cgtcctgctt ctcttcgatc ttcgccagca gggcgaggat cgtggcatca ccgaaccgcg 14967  
20 ccgtgcgcgg gtcgtcggtg agccagagtt tcagcaggcc gcccaggcgg ccaggtcgc 15027  
cattgatgcg ggccagctcg cggacgtgct catagtccac gacgcccggtg atttttagc 15087  
25 cctggccgac ggccagcagg taggccgaca ggctcatgcc ggccgccgcc gccttttctt 15147  
caatcgctct tcgttcgtct ggaaggcagt acaccttgat aggtgggctg cccttcctgg 15207  
ttggcttggg ttcattcagc atccgcttgc cctcatctgt tacgccggcg gtagccggcc 15267  
30 agcctcgcag agcaggattc ccgttgagca ccgccagggtg cgaataaggg acagtgaaga 15327  
aggaacaccc gctcgcgggt gggcctactt cacctatcct gcccggtga cgcggttga 15387  
35 tacaccaagg aaagtctaca cgaacccttt ggcaaaatcc tgtatatcgt gcgaaaagg 15447  
atggatatac cgaaaaaatc gctataatga ccccgaaagca gggttatgca gcggaaaagc 15507  
40 gccacgcttc ccgaaggag aaaggcggac aggtatccgg taagcggcag ggtcgggaaca 15567  
ggagagcgca cgaggagct tccaggggga aacgcctggg atctttatag tctgtcggg 15627  
tttcgccacc tctgacttga gcgtcgattt ttgtgatgct cgtcaggggg gcggagccta 15687  
45 tggaaaaacg ccagcaacgc ggccttttta cggttcctgg ccttttctgt gccttttct 15747  
cacatgttct ttctgcgtt atccctgat tctgtggata accgtattac cgcctttgag 15807  
tgagctgata ccgctcgccg cagccgaacg accgagcgca gcgagtcagt gagcgaggaa 15867  
50 gcggaagagc gccagaaggc cgccagagag gccgagcgcg gccgtgaggc ttggacgcta 15927  
gggcagggca tgaaaaagcc cgtagcgggc tgctacgggc gtctgacgcg gtggaaaggg 15987  
55 ggaggggatg ttgtctacat ggctctgctg tagtgagtgg gttgcgctcc ggcagcggtc 16047  
ctgatcaatc gtcacccttt ctcggctcct caacgttcct gacaacgagc ctccttttgc 16107  
60 ccaatccatc gacaatcacc gcgagtcctt gctcgaacgc tgcgtccgga ccggcttcgt 16167  
cgaaggcgtc tatcggggcc cgcaacagcg gcgagagcgg agcctgttca acggtgccgc 16227

## 106

cgcgctcgcc ggcacgctg tcgcccgcct gtcctcaag cacggcccca acagtgaagt 16287  
 agctgattgt catcagcgca ttgacggcgt ccccgccga aaaacccgcc tcgcagagga 16347  
 5 agcgaagctg cgcgtcggcc gtttccatct gcggtgcgcc cggtcgcgtg ccggcatgga 16407  
 tcgcgcgcc atcgcggtag gcgagcagcg cctgcctgaa gctgcgggca ttcccgatca 16467  
 10 gaaatgagcg ccagtcgctg tcggctctcg gcacogaatg cgtatgattc tccgccagca 16527  
 tggcttcggc cagtgcgctg agcagcgccc gcttgcttct gaagtgccag taaagcgccg 16587  
 gctgctgaac cccaaccgt tccgccagtt tgcgtgctgt cagaccgtct acgccgacct 16647  
 15 cgttcaacag gtccaggcg gcacggatca ctgtattcgg ctgcaacttt gtcattgctt 16707  
 acactttatc actgataaac ataatatgtc caccaactta tcagtataa agaatccgcg 16767  
 20 cgttcaatcg gaccagcgga ggctggctcg gagccagac gtgaaaccca acatacccct 16827  
 gatcgtaatt ctgagcactg tcgcgctcga cgctgctggc atcggcctga ttatgccggt 16887  
 gctgccgggc ctctgcgcg atctggttca ctgaacgac gtcaccgcc actatggcat 16947  
 25 tctgctggcg ctgtatgctg tgggtcaatt tgcctgcgca cctgtgctgg gcgcgctgtc 17007  
 ggatcgtttc gggcgccggc caatcttgct cgtctcgctg gccggcgcca gatc 17061  
  
 30 <210> 35  
 <211> 290  
 <212> PRT  
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*, *Physcomitrella patens*, *Caenorhabditis elegans*  
 35 <400> 35  
  
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
 40 1 5 10 15  
  
 Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
 45 20 25 30  
  
 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
 35 40 45  
  
 50 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
 50 55 60  
  
 55 Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
 65 70 75 80  
  
 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
 60 85 90 95  
  
 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr

## 107

100

105

110

5 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
115 120 125

10 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
130 135 140

15 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
145 150 155 160

20 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
165 170 175

25 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
180 185 190

30 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
195 200 205

35 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
210 215 220

40 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
225 230 235 240

45 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
245 250 255

50 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
260 265 270

55 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
275 280 285

Thr Glu  
290

50

&lt;210&gt; 36

&lt;211&gt; 282

&lt;212&gt; PRT

55 <213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens, Caenorhabditis  
elegans

&lt;400&gt; 36

60 Met Glu Asn Phe Trp Ser Ile Val Val Phe Phe Leu Leu Ser Ile Leu  
1 5 10 15

## 108

Phe Ile Leu Tyr Asn Ile Ser Thr Val Cys His Tyr Tyr Met Arg Ile  
20 25 30

5 Ser Phe Tyr Tyr Phe Thr Ile Leu Leu His Gly Met Glu Val Cys Val  
35 40 45

10 Thr Met Ile Pro Ser Trp Leu Asn Gly Lys Gly Ala Asp Tyr Val Phe  
50 55 60

15 His Ser Phe Phe Tyr Trp Cys Lys Trp Thr Gly Val His Thr Thr Val  
65 70 75 80

20 Tyr Gly Tyr Glu Lys Thr Gln Val Glu Gly Pro Ala Val Val Ile Cys  
85 90 95

25 Asn His Gln Ser Ser Leu Asp Ile Leu Ser Met Ala Ser Ile Trp Pro  
100 105 110

Lys Asn Cys Val Val Met Met Lys Arg Ile Leu Ala Tyr Val Pro Phe  
115 120 125

30 Phe Asn Leu Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Thr Ile Phe Ile Asp Arg Tyr  
130 135 140

35 Asn Arg Glu Arg Ala Met Ala Ser Val Asp Tyr Cys Ala Ser Glu Met  
145 150 155 160

40 Lys Asn Arg Asn Leu Lys Leu Trp Val Phe Pro Glu Gly Thr Arg Asn  
165 170 175

45 Arg Glu Gly Gly Phe Ile Pro Phe Lys Lys Gly Ala Phe Asn Ile Ala  
180 185 190

Val Arg Ala Gln Ile Pro Ile Ile Pro Val Val Phe Ser Asp Tyr Arg  
195 200 205

50 Asp Phe Tyr Ser Lys Pro Gly Arg Tyr Phe Lys Asn Asp Gly Glu Val  
210 215 220

55 Val Ile Arg Val Leu Asp Ala Ile Pro Thr Lys Gly Leu Thr Leu Asp  
225 230 235 240

60 Asp Val Ser Glu Leu Ser Asp Met Cys Arg Asp Val Met Leu Ala Ala  
245 250 255

Tyr Lys Glu Val Thr Leu Glu Ala Gln Gln Arg Asn Ala Thr Arg Arg

## 109

260

265

270

5 Gly Glu Thr Lys Asp Gly Lys Lys Ser Glu  
275 280

10 <210> 37  
<211> 477  
<212> PRT  
<213> Phaeodactylum tricornutum, Physcomitrella patens, Caenorhabditis elegans

15 <400> 37

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala  
1 5 10 15

20 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp  
20 25 30

25 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His  
35 40 45

30 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met  
50 55 60

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met  
65 70 75 80

35 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu  
85 90 95

40 Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys  
100 105 110

45 Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr  
115 120 125

50 Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val  
130 135 140

Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu  
145 150 155 160

55 Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His  
165 170 175

60 His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe  
180 185 190

## 110

Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys  
195 200 205

5 His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val  
210 215 220

10 Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp  
225 230 235 240

15 Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys  
245 250 255

20 Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr  
260 265 270

25 Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe  
275 280 285

Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu  
290 295 300

30 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile  
305 310 315 320

35 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg  
325 330 335

40 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser  
340 345 350

45 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met  
355 360 365

Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val  
370 375 380

50 Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe  
385 390 395 400

55 Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu  
405 410 415

60 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val  
420 425 430

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu

111

435

440

445

5 Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly  
450 455 460

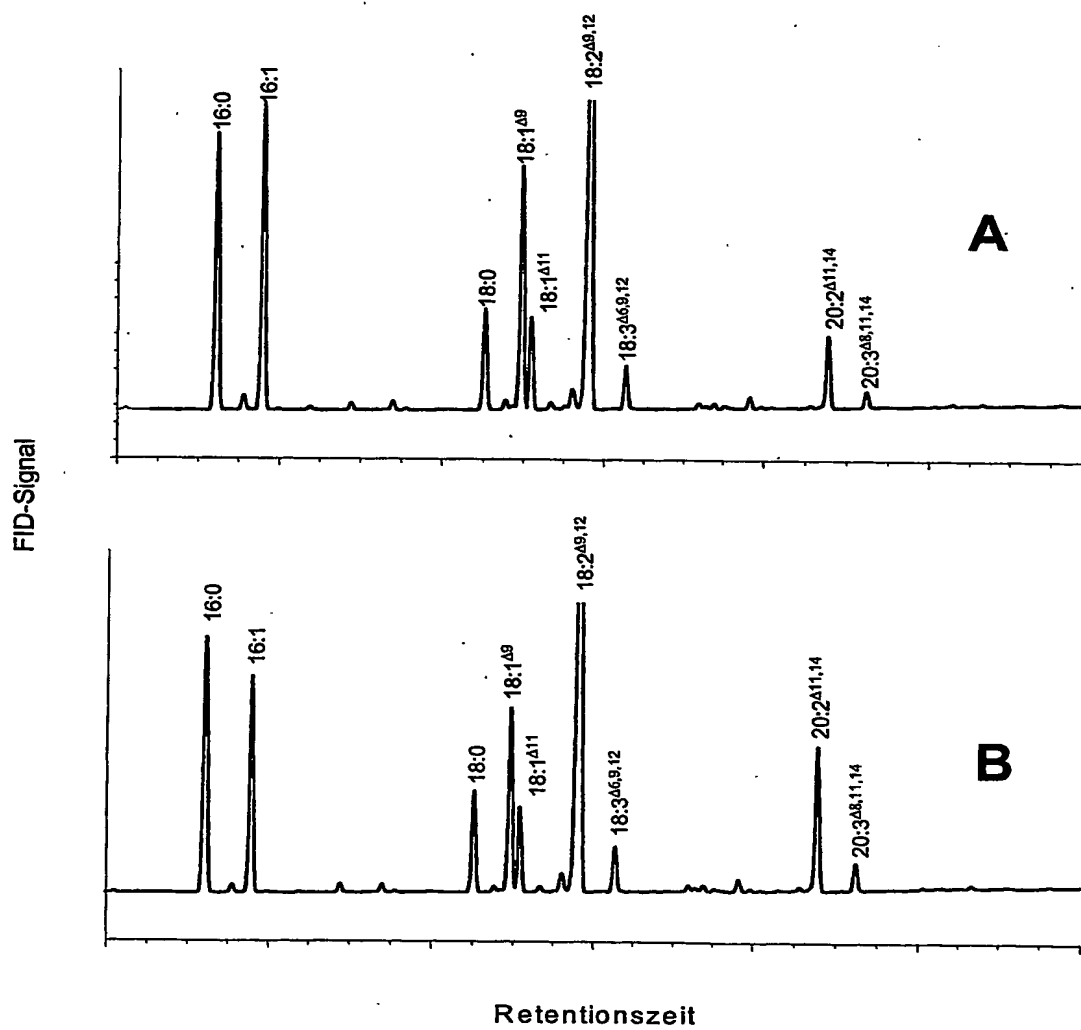
10 Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met  
465 470 475



Figur 1: Aminosäure-Sequenzvergleich von *C. elegans* LPLATs (Ce-T06E8.1 und Ce-F59F4.4) mit der *M. musculus* LPAAT (Mm-NP061350).

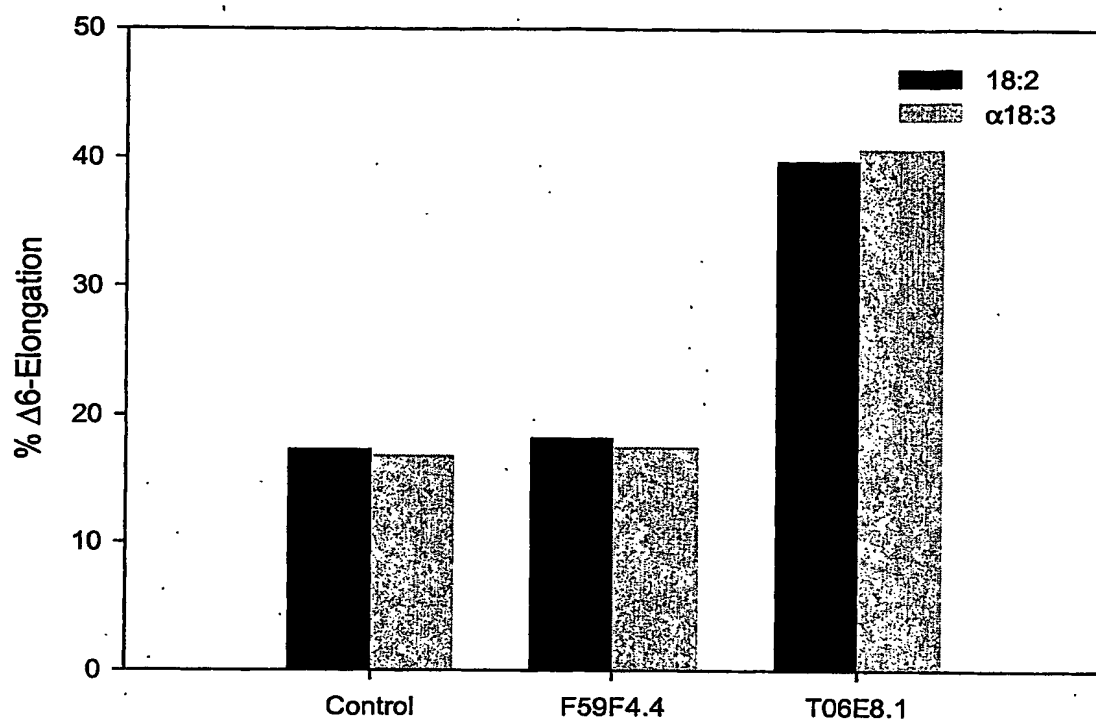
	1					50
Mm-NP061350	MELWPGAWTA	LLLLLLLLLS	TLWFCSSSAK	YFFKMARANG	WILFLAILAI	
Ce-T06E8.1	...MENFWSI	VVFFLSISIF	IDYNISTVCH	YMMRISEYF	TEHLHGMEVC	
Ce-F59F4.4	.....MIF	LAILFYIAVL	LLLAQLPVIG	YIRAVYKGM	CLLIGGFLGG	
	51					100
Mm-NP061350	PVCAVRGRNV	ENMKIERLLL	LHAKYLYGIR	VEVRGAHHFP	PTQPYVAVSN	
Ce-T06E8.1	VTMIPSWLNG	KGADYVFHSF	FYWCKWIGYH	TTVYGYEKTQ	VEGPAVVICN	
Ce-F59F4.4	LASIPFGKSP	NNHFRMFKIF	QAMTWPMGVR	FELRNSEILH	DKKPYVLTAN	
	101					150
Mm-NP061350	HQSSLDLGM	MEVLPDRCVP	IAKRELLWAG	SAGLACWLAG	LTTFEDRKRTG	
Ce-T06E8.1	HQSSLDLGM	ASIWPKNCVV	MMKRILAVVP	FFNLGAFSN	LTTFEDRYNRE	
Ce-F59F4.4	HQSALDVLGM	SFAWVDCVV	MLKSSLKYL	GFNLCAVLC	SVYINRFSKE	
	151					200
Mm-NP061350	DAESVMSEVA	QTLTQDVRV	WVEPEGTRNH	NGSMFPFKRG	AFHTAVQAQV	
Ce-T06E8.1	RAMASVDYCA	SEMKNRNLKL	WVEPEGTRNR	EGGFIPFKKG	AFHTAVRAQI	
Ce-F59F4.4	KALKTVDTTL	HEVTVKKRAV	WVEPEGTRNA	EPELIPFKKG	AFILAKQAKI	
	201					250
Mm-NP061350	PIIPVIMSSY	QDFYSKKERR	FTSPGRCQVR	VLPPVSTIEGL	TPDDVPALAD	
Ce-T06E8.1	PIIPVVFSDY	RDFYSKPGRY	FKNDGEVVIR	VLDATPIKGL	TLDDVSELS	
Ce-F59F4.4	PIIPCVFSSH	KFFYSHAERR	LTS.GNCILD	ILPEVDSS..	KFDSIDDL	SA
	251					285
Mm-NP061350	SVRHSLTIF	RELSTDGLGG	GDCLKKPGGA	GEARL		
Ce-T06E8.1	MCRDVMLAAY	KEVTLEAQQR	NATRRGETKD	GKKSE		
Ce-F59F4.4	HCRKIMOHR	EKLDAEAANL	NI.....	.....		

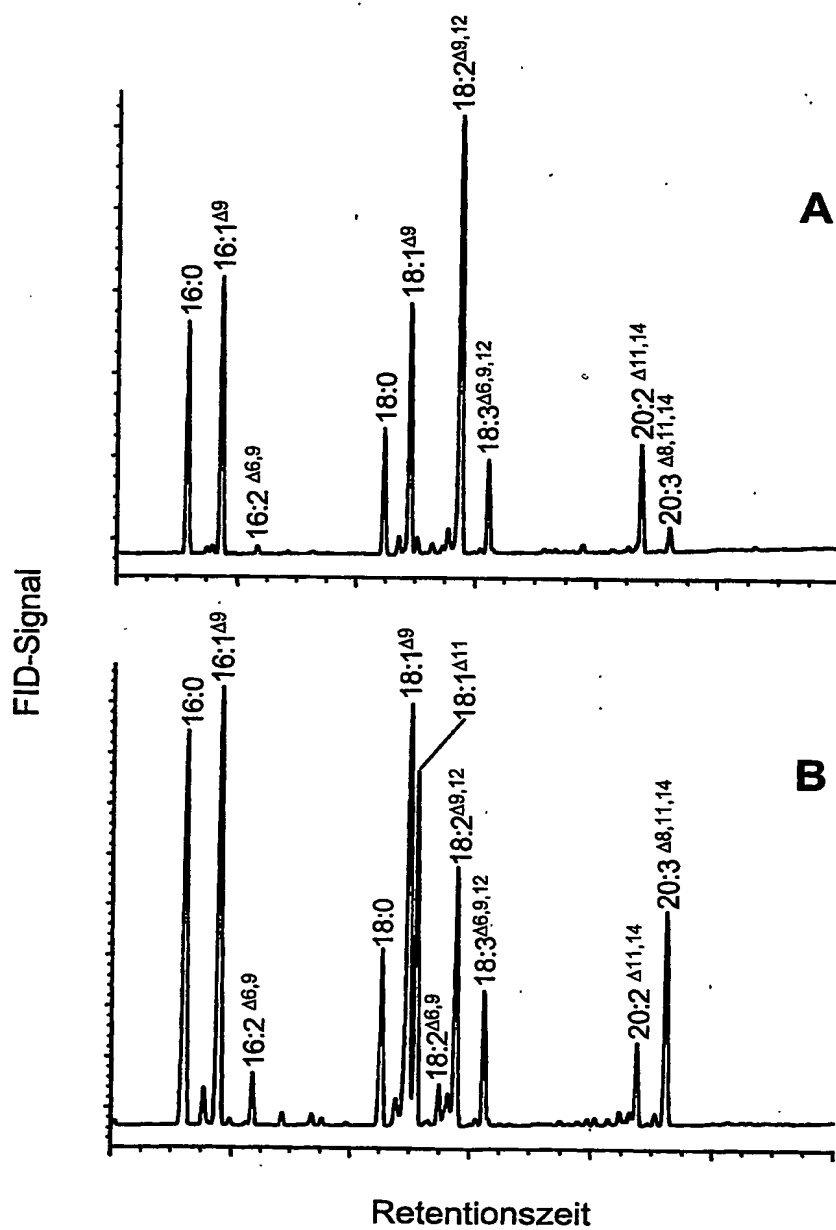
Figur 2: Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen



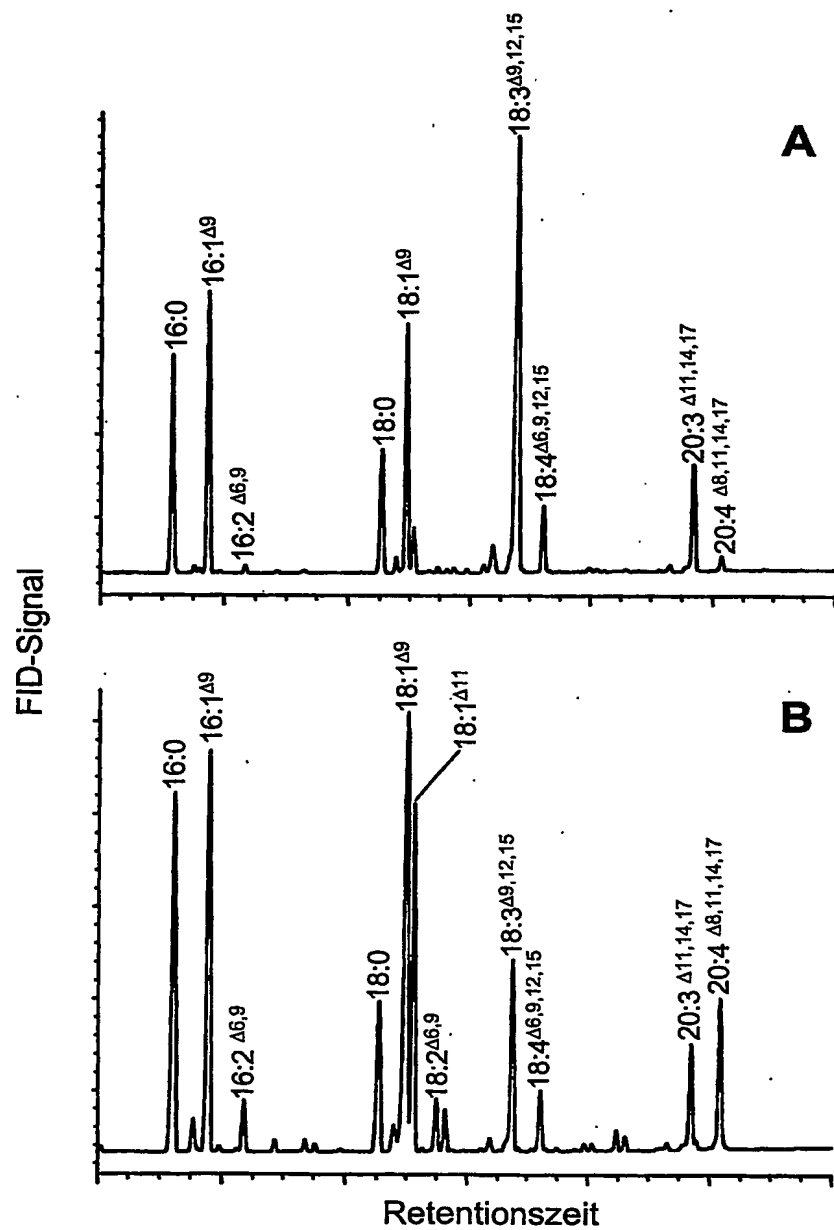
Figur 3: Fettsäureprofile von transgenen C13ABYS86 *S. cerevisiae*-Zellen

Figur 4: Elongation exogen applizierter  $18:2^{\Delta 9,12}$  bzw.  $18:3^{\Delta 9,12,15}$  im Anschluss an ihre endogene  $\Delta$ -6-Desaturierung (Daten aus Fig. 2 und 3).

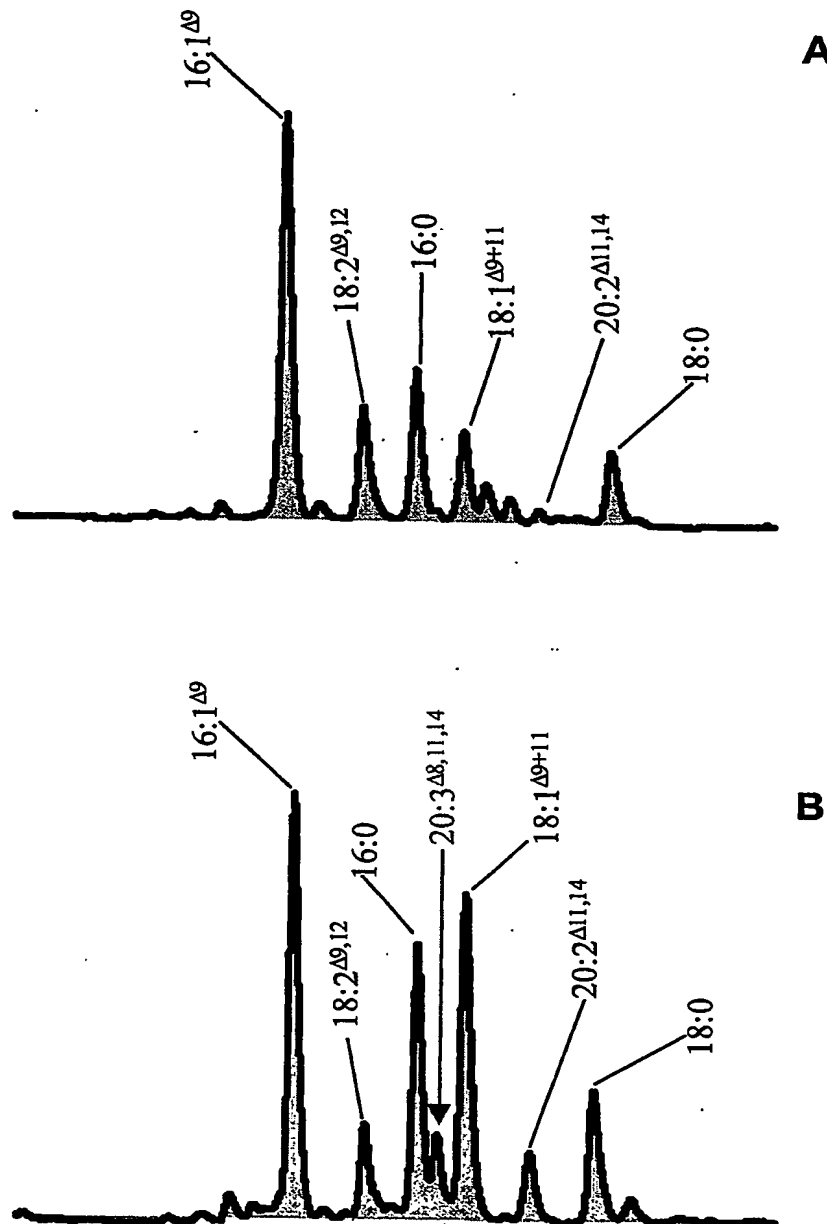


Figur 5: Fettsäure-Profile von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen

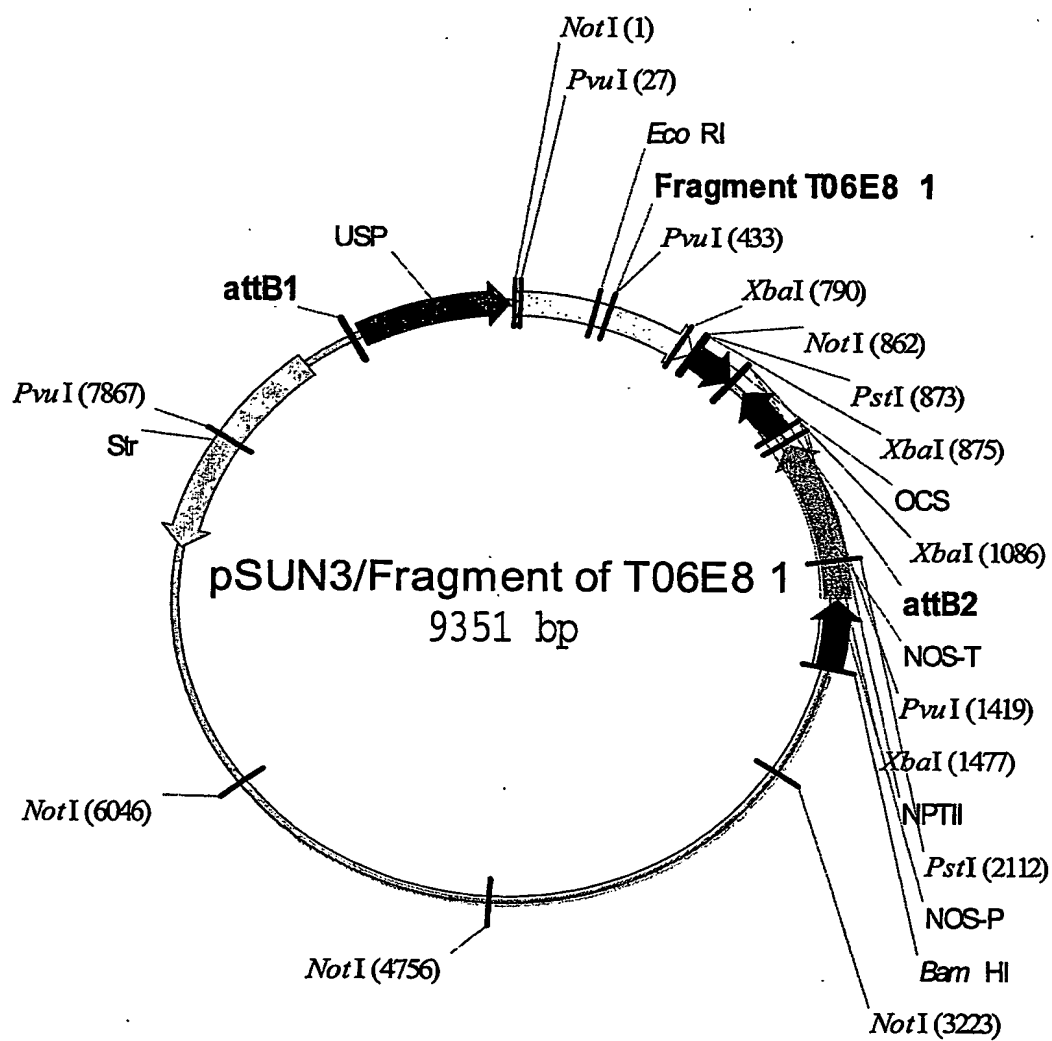
Figur 6: Fettsäure-Profile von transgenen INVSc1 *S. cerevisiae*-Zellen.



Figur 7: Acyl-CoA-Zusammensetzung transgener INVSc1 Hefen, die mit den Vektoren pESCLeu PpD6Pse1/pYes2 (A) oder pESCLeu-PpD6-Pse1/pYes2-T06E8.1 (B) transformiert worden waren.

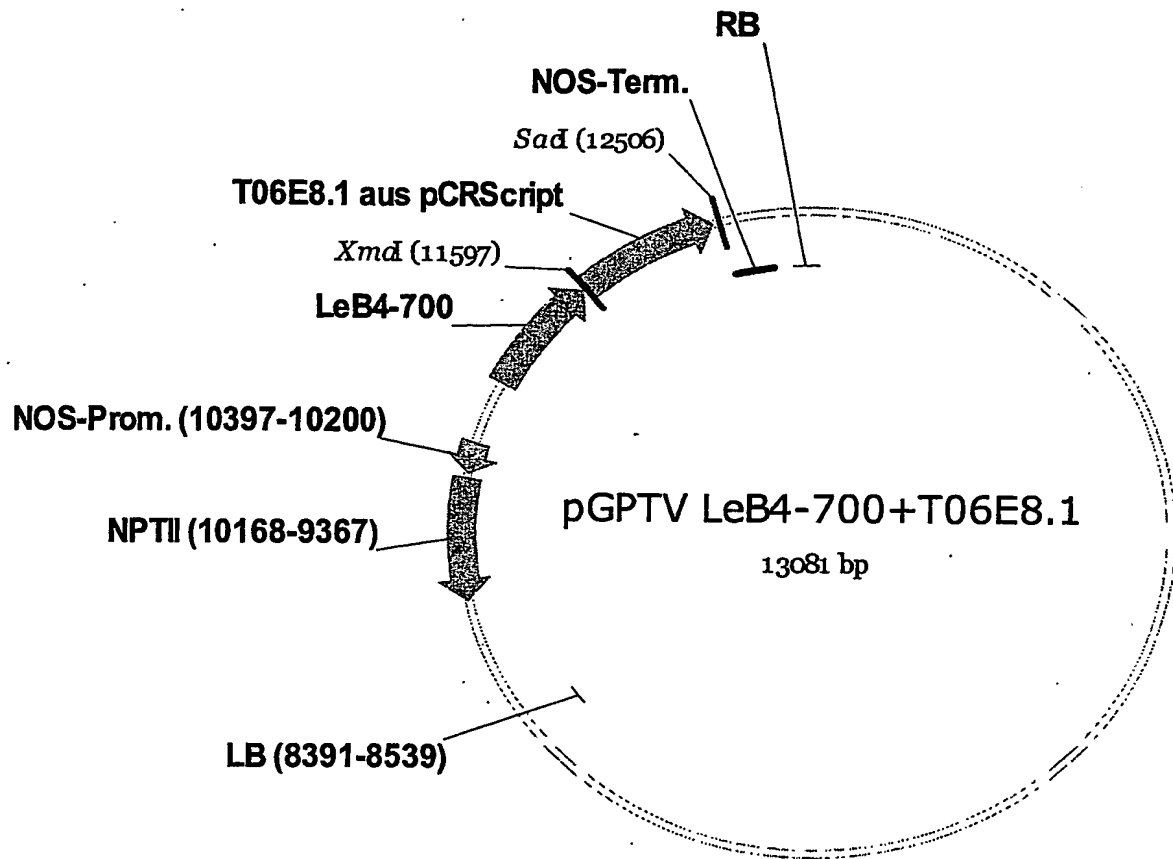


Figur 8: Vektorkarte von pSUN3CeLPLAT



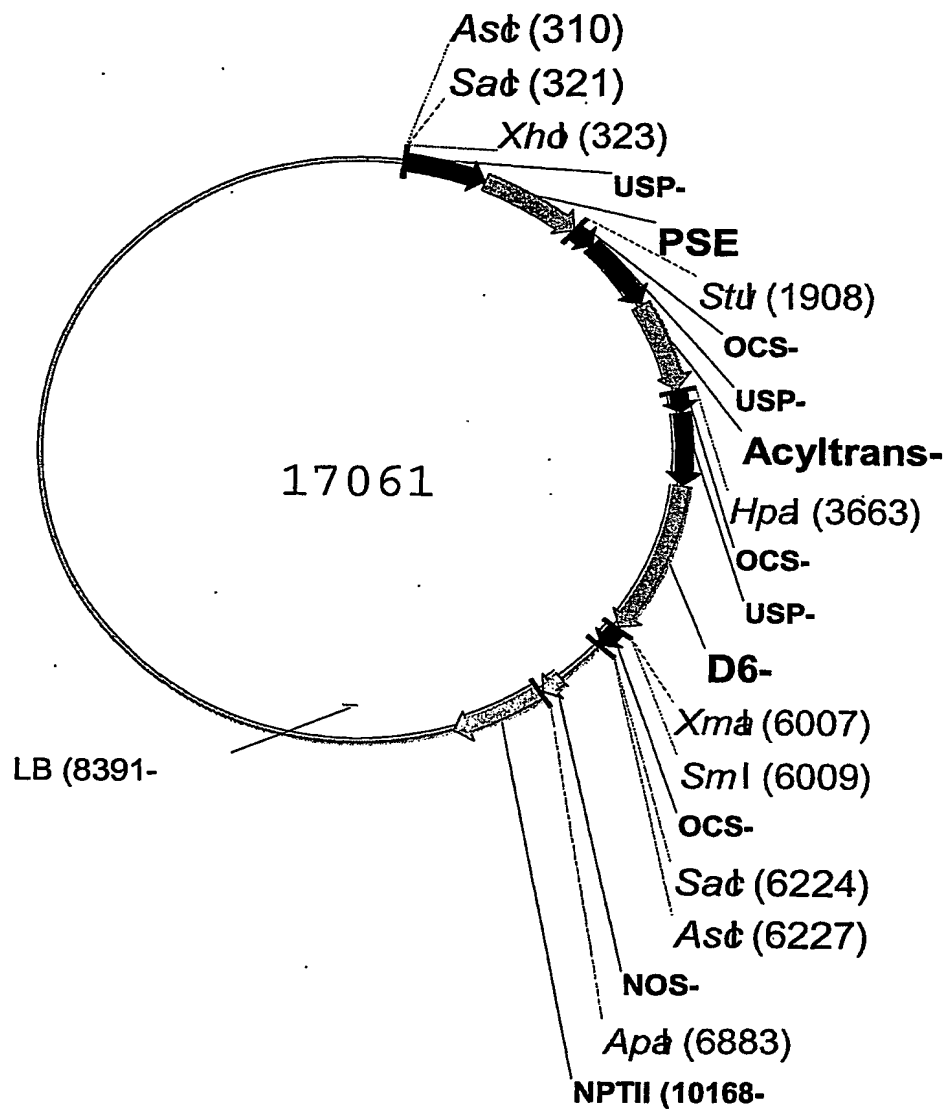


Figur 9A: Vektorkarte von pGPTV LeB4-700 + T06E8.1

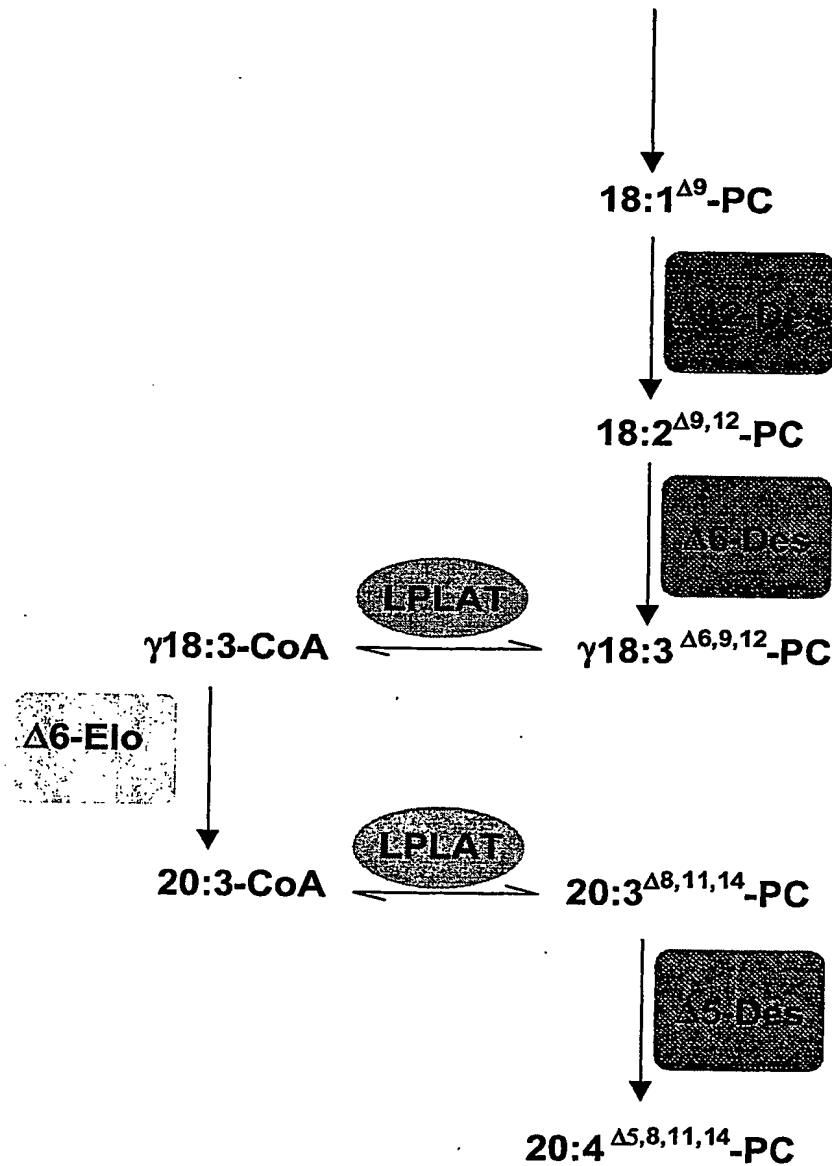


Figur 9B: Vektorkarte von pGPTV USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp)+D6-Des(Pt)+2AT (T06E8-1)

pGPTV/USP/OCS-1,2,3 PSE1(Pp) D6-Des(Pt)-2 AT(T06E8-1)



Figur 10A: Biosynthese-Weg von LCPUFAs



Figur 10B: Biosynthese-Weg von LCPUFAs

